

Biochimie Hématologie

3^e édition

2

Pharmacie - Biologie :

- Concours de l'Internat
- Formation continue

Collection dirigée par
Michel VAUBOURDOLLE

COLLECTION
LE MONITEUR
INTERNAT

Biochimie Hématologie

3^e édition

Collection dirigée par
Michel VAUBOURDOLLE

This One



2RNN-WNP-RW8R

C O L L E C T I O N
LE MONITEUR
INTERNAT



Le code de la propriété intellectuelle du 1^{er} juillet 1992 interdit en effet expressément la photocopie à usage collectif sans autorisation des ayants droit. Or, cette pratique s'est généralisée notamment dans l'enseignement, provoquant une baisse brutale des achats de livres, au point que la possibilité même pour les auteurs de créer des œuvres nouvelles et de les faire éditer correctement est aujourd'hui menacée. En application de la loi du 11 mars 1957, il est interdit de reproduire intégralement ou partiellement le présent ouvrage sans autorisation de l'éditeur ou du Centre français du copyright (20, rue des Grands-Augustins, 75006 Paris).

© Wolters Kluwer SA, 2007
1, rue Eugène et Armand Peugeot
92856 Rueil-Malmaison cedex
ISBN : 978-2-915585-39-1



Comité éditorial

MEMBRES DU COMITÉ ÉDITORIAL

Chimie analytique

Pr. Martine Beljean-Leymarie

Laboratoire de Biologie, CHS, Caen

Microbiologie

Pr. Anne Collignon

Laboratoire de Microbiologie, UFR de Pharmacie, Paris XI

Pharmacie clinique

Pr. Robert Farinotti

Pharmacie, Groupe Hospitalier Pitié-Salpêtrière, AP-HP, Paris

Hématologie

Pr. Christian Doutremepuich

Laboratoire d'Hématologie, UFR de Pharmacie, Bordeaux

Toxicologie

Pr. Jean-Yves Le Talaer

Département de Biochimie-Toxicologie, UFR de Pharmacie, Caen.

Biochimie

Pr. Dominique Porquet

Laboratoire de Biochimie, UFR de Pharmacie, Paris XI.

DIRECTEUR DE COLLECTION

Dr. Michel Vaubourdolle

Pôle de Biologie-Imagerie, Hôpital Saint-Antoine, Paris.

Avant-propos

Le Moniteur Internat est devenu pour les étudiants en Pharmacie qui souhaitent passer le Concours de l'Internat en Pharmacie un outil de référence comportant les connaissances essentielles, accompagnées d'applications pratiques. C'est également pour les pharmaciens et les biologistes une base de formation continue rassemblant l'essentiel des disciplines pharmaceutiques.

Pour continuer la double action qui actualise l'ensemble des disciplines de la biologie et de la pharmacie et qui permet aux étudiants de disposer d'un outil performant, nous avons rassemblé l'ensemble des questions figurant au programme de l'Internat en Pharmacie dans quatre volumes.

Ces ouvrages constituent la troisième édition de la collection du Moniteur Internat. La rubrique « Vérifiez vos connaissances », qui comprend notamment des QCM et des cas cliniques, a été actualisée, enrichie et sera prochainement disponible en ligne sur www.WK-pharma.fr.

Le premier tome, « Toxicologie, Sciences Mathématiques, Physiques et Chimiques », regroupe l'essentiel des questions fondamentales ou analytiques ainsi que la Toxicologie.

Le deuxième tome, centré sur la Biologie, comporte la Biochimie et l'Hématologie. La Biologie et la Pharmacie se retrouvent dans le troisième tome, consacré à l'Infectiologie : celui-ci rassemble les questions d'Immunologie, de Bactériologie, de Virologie, de Mycologie, de Parasitologie, d'Hygiène et de Prévention ainsi que les médicaments associés.

Enfin, le quatrième et dernier tome est ciblé sur le Médicament au sens le plus général : Physiologie, Pharmacologie, Pharmacie Clinique.

Dr Michel VAUBOURDOLLE
*Biologiste des Hôpitaux
Directeur de Collection*

Préface

En relisant le sommaire de cet ouvrage, je prends mieux conscience de sa richesse et de sa diversité. En effet, au-delà des principales disciplines, Biochimie, Physiologie, Hématologie, que vous allez retrouver dans cet ouvrage, sont également abordés des aspects de Génétique et des aspects plus analytiques. Si cet inventaire peut donner au premier abord l'impression d'une certaine forme de dispersion, il faut cependant clairement avoir conscience que ces disciplines sont en fait toutes liées, la physiologie constituant un socle fondamental sur lequel de nombreuses autres disciplines se sont progressivement construites.

En relisant ce sommaire, je prends également conscience de la difficulté d'un tel ouvrage qui repose sur le principe qu'il faut à la fois y aborder des questions de type fondamental (connaissances physico-chimiques, structurales, analytiques), de type physiologique (physiologie d'organes ou approche par type de métabolisme), de type physio-pathologique (maladies d'organe et maladies systémiques) et enfin de type thérapeutique. Cette difficulté est liée bien sûr aux sections très transversales du programme du concours de l'internat créant ainsi un découpage très artificiel d'un certain nombre de disciplines. Pour autant, les auteurs de cet ouvrage se sont toujours attachés à répondre de la façon la plus efficiente et la plus pertinente à la liste des questions définies dans ce programme de l'internat. Ceci nous paraît essentiel car l'objectif clairement affiché est d'aider, de la façon la plus fructueuse possible, les étudiants à la préparation de ce concours. A cet effet, la plupart des chapitres de cet ouvrage ont été très profondément modifiés et bien sûr complètement actualisés.

Je tiens enfin à remercier très chaleureusement l'ensemble des rédacteurs de cet ouvrage pour la qualité du travail accompli ainsi que Michel Vaubourdolle qui assure avec compétence et passion la direction de cette collection.

Dominique PORQUET

Doyen de la Faculté de Pharmacie Paris XI, Châtenay-Malabry

Sommaire

Première partie : Biochimie

Génétique

- Caryotype
G. Tachdjian 5
- Maladies héréditaires monofactorielles : modes de transmission et mécanismes
B. Parfait, D. Vidaud 33
- Les méthodes d'analyse des variations de séquence des acides nucléiques
S. Moutereau, S. Loric 55
- Régulation de l'expression des gènes codant les protéines
B. Parfait, D. Vidaud 85

Biochimie fondamentale

- Métabolisme du glycogène
J.-F. Benoist, D. Porquet 101
- Régulation de la glycémie
J.-F. Benoist, D. Porquet 115
- Réactions générales du catabolisme des acides aminés
J.-P. De Bandt, L. Cynober 135
- Uréogenèse et ammoniogenèse
L. Cynober, J.-P. De Bandt 151
- Cétogenèse
N. Moatti, B. Baudin 165
- Structure et métabolisme des lipoprotéines
S. Lestavel, A. Tailleux, T. Brousseau 173

• Métabolisme des acides gras et des triglycérides	
<i>C. Aussel</i>	197
• Régulation de la biosynthèse du cholestérol	
<i>C. Aussel</i>	225
• Bases fondamentales des cinétiques enzymatiques	
<i>D. Biou</i>	233

Physiologie

• Physiologie rénale	
<i>F. Schmitt</i>	261
• Métabolisme phosphocalcique	
<i>M. Déchaux</i>	285
• Physiologie des surrénales	
<i>J.-M. Villette, J. Fiet, J. Guéchet</i>	307
• Physiologie de la thyroïde	
<i>M.-L. Piketty, L. Kraoul, K. Tabaouti</i>	327
• Physiologie de la grossesse	
<i>P. Labrude, F. Bonneaux, M.-M. Galteau, M.-O. Delaporte</i>	345

Biochimie analytique et clinique

• Électrophorèses	
<i>M. Beljean-Leymarie, C. Desbene</i>	377
• L'exploration des métabolismes phosphocalcique et osseux	
<i>J.-C. Souberbielle</i>	411
• Les troubles de l'équilibre acide-base	
<i>P. Derache, F. Le Moigne, M. Darmon</i>	439
• Le métabolisme hydroélectrolytique et ses perturbations	
<i>P. Derache, M.-C. Delmas-Beauvieux, M. Darmon</i>	467
• Les diabètes insulino- et non insulino-dépendants	
<i>V. Annaix, Pr A. Thuillier</i>	497
• Les hyperlipoprotéïnémies	
<i>G. Luc, J.-M. Bard</i>	521
• Pathologie rénale	
<i>F. Schmitt</i>	543
• Sémiologie biologique hépatique : cholestase, insuffisance hépatocellulaire, cytolysse et inflammation hépatique	
<i>Ph. Podevin</i>	573
• Anomalies qualitatives et quantitatives des protéines plasmatiques	
<i>D. Biou</i>	583
• L'infarctus du myocarde	
<i>B. Baudin</i>	615

• <u>Hyperuricémies</u>	
<u>J. Myara</u>	631
• <u>Pancréatites aiguës</u>	
<u>J. Myara</u>	643
• <u>Réactions inflammatoires : physiopathologie et exploration</u>	
<u>M. Bernard</u>	653
• <u>Diagnostic immunologique de la grossesse</u>	
<u>J. Guéchet</u>	667
• <u>Dysfonctionnements corticosurrénaux</u>	
<u>PH. Boudou, J. Guéchet</u>	675
• <u>Pathologie thyroïdienne</u>	
<u>F. Duron, J. Guéchet</u>	701

Deuxième partie : Hématologie

Hémoglobine

• <u>Hémoglobines : structure et propriétés</u>	
<u>V. Annaix, Pr A. Thuillier</u>	757
• <u>Biosynthèse et catabolisme de l'hémoglobine</u>	
<u>V. Annaix, Pr A. Thuillier</u>	769
• <u>Hémoglobinopathies : drépanocytose et thalassémies</u>	
<u>V. Annaix, Pr A. Thuillier</u>	777

Physiologie

• <u>Physiologie des lignées granulocytaires</u>	
<u>M.-R. Boisseau, P. Bernard, D. Borgel</u>	797
• <u>Physiologie de la lignée lymphocytaire</u>	
<u>M.-R. Boisseau, P. Bernard, D. Borgel</u>	805
• <u>Physiologie des monocytes-macrophages</u>	
<u>M.-R. Boisseau, P. Bernard, D. Borgel</u>	813
• <u>Physiologie de la lignée érythrocytaire</u>	
<u>M.-R. Boisseau, P. Bernard, D. Borgel</u>	819
• <u>Physiologie de l'hémostase primaire et de la coagulation</u>	
<u>P. Gaussem, M. Aiach</u>	827
• <u>Physiologie de la fibrinolyse</u>	
<u>P. Gaussem, M. Aiach</u>	841
• <u>Groupes sanguins : systèmes ABO et rhésus</u>	
<u>E. Pelissier, A. François, B. Jaulmes</u>	849
• <u>Génétique moléculaire des systèmes ABO de groupes sanguins humains</u>	
<u>M. Lentzy</u>	861

Hématologie clinique

- Diagnostic biologique d'une anémie en pratique courante
F. Doutremépuich 877
- Les anémies par carence en fer
F. Doutremépuich 883
- Les anémies hémolytiques
A. Stepanian, V. Siguret, P. Gaussem 891
- Les anémies macrocytaires
V. Siguret, A. Stepanian, P. Gaussem 905
- La polyglobulie essentielle ou maladie de Vaquez
P. Duthilleul, V. Siguret 915
- La leucémie lymphoïde chronique
L. Camoin-Jau, J. Sampol 923
- La leucémie myéloïde chronique
L. Camoin-Jau, J. Sampol 931
- Les leucémies aiguës
P. Gaussem, A. Vincenot 941
- Maladie de Kahler (myélome multiple)
V. Siguret, C. Boccara 953
- Maladie de Waldenström
S. Choquet, L. Musset 967
- Neutropénie agranulocytose
S. Guibaud, B. Durand, V. Siguret 979
- Syndromes mononucléosiques
V. Desplat 989
- Thrombopénies
V. Siguret, A. Stepanian 995

Hémostase

- Les anomalies du complexe prothrombinique (allongement du temps de Quick)
P. Gaussem, M. Aiach 1011
- Le bilan d'hémostase préopératoire
A. Stepanian, V. Siguret, P. Gaussem 1019
- Surveillance d'un traitement anticoagulant
F. Doutremépuich 1027
- Hémophilies
V. Siguret, A. Stepanian 1037
- Maladie de Willebrand
V. Desplat 1049
- Coagulation intravasculaire disséminée (CIVD)
V. Desplat 1057

Thérapeutique

- Les antivitamines K
F. Doutremépuich..... 1067
- Les héparines
F. Doutremépuich..... 1079
- Les médicaments antiplaquettaires (antiagrégants plaquettaires)
V. Siguret, P. Gaussem..... 1091
- Thrombolytiques et antifibrinolytiques
D. Richard, C. Charpentier..... 1101

Première partie :
Biochimie



Génétique

Caryotype

G. TACHDJIAN, Service d'histologie, embryologie, cytogénétique,
Hôpital Antoine Béchère, AP-HP, Clamart.

I. Cycle cellulaire, mitose et méiose

- A. La mitose
- B. La méiose

II. Nomenclature et structure des chromosomes

III. Techniques cytogénétiques

- A. Cellules utilisées
- B. Obtention des préparations chromosomiques
- C. Marquages en bandes
- D. Caryotype haute résolution
- E. Hybridation *in situ* fluorescente (FISH)
- F. Hybridation génomique comparative
- G. Caryotype en flux

IV. Anomalies chromosomiques

- A. Anomalies constitutionnelles
- B. Anomalies acquises
- C. Anomalies homogènes
- D. Anomalies en mosaïque
- E. Anomalies de nombre des chromosomes
- F. Anomalies de structure des chromosomes

V. Sites fragiles

VI. Polymorphisme du caryotype humain

VII. Incidence des anomalies chromosomiques

VIII. Indications du caryotype

- A. Caryotype en période prénatale
- B. Caryotype en période postnatale
- C. Recherche d'anomalie chromosomique acquise

Le caryotype permet l'analyse numérique et structurale des chromosomes humains. Les chromosomes sont le support du matériel génétique. Ils interviennent dans l'hérédité puisque chaque individu possède, pour chaque paire de chromosomes homologues, un chromosome d'origine maternelle et un autre d'origine paternelle. Ils interviennent aussi dans la structure et le fonctionnement des cellules.

La discipline qui étudie les chromosomes correspond à la cytogénétique. Depuis la découverte du nombre exact de chromosomes dans l'espèce humaine par Joe Hin Tjio et Albert Levan en 1956, la cytogénétique s'est développée dans de nombreux domaines de la médecine pour l'étude des anomalies chromosomiques. Les principales indications du caryotype concernent les enfants affectés de malformations et/ou de dysmorphies et/ou de retard mental, leurs parents, les sujets infertiles, le dépistage anténatal des anomalies chromosomiques, les cancers et les leucémies. La cytogénétique est aussi très utilisée pour la cartographie des gènes sur les chromosomes.

Les méthodes de cytogénétique se sont considérablement développées, englobant les techniques de cytogénétique classique (bandes chromosomiques) et les techniques de cytogénétique moléculaire (sondes chromosomiques). Ces techniques permettent d'analyser actuellement les chromosomes avec une grande précision et peuvent être appliquées à tous les tissus quel que soit le stade du cycle cellulaire.

I. Cycle cellulaire, mitose et méiose

Il existe deux types de division cellulaire dans l'organisme : la mitose et la méiose.

A. La mitose

Il s'agit du mécanisme par lequel le contenu en chromosomes d'une cellule somatique se maintient constant au cours des divisions cellulaires successives. Avant les divisions cellulaires, les cellules répliquent leur ADN au cours d'une période du cycle cellulaire appelée « phase S ». Cette réplication est suivie d'une phase G2 qui précède la mitose. La mitose est divisée en quatre stades :

- prophase ;
- métaphase ;
- anaphase ;
- télophase.

En *prophase*, les chromosomes sont des structures visibles en microscopie sous forme de filaments longs, fins et enchevêtrés. En *métaphase*, la membrane nucléaire disparaît et les chromosomes comportant deux chromatides sont condensés et individualisés. À l'*anaphase*, les chromatides sœurs se séparent et migrent à chaque pôle de la cellule. En *télophase*, les chromosomes se décondensent. Par le processus de la mitose, il y a une distribution égale du matériel chromosomique dans les cellules filles (46 chromosomes). Après la mitose, la cellule entre en phase G1. Les phases G1, S, et G2 constituent l'interphase.

B. La méiose

Ce processus se déroule uniquement dans les cellules de la lignée germinale dans les gonades (ovaires ou testicules). La méiose permet la formation de gamètes haploïdes (23 chromosomes) après deux divisions successives d'une cellule diploïde (46 chromosomes). La première division de méiose (méiose I) est une division réductionnelle avec formation de cellules filles contenant 23 chromosomes et $2n$ quantité d'ADN à partir d'une cellule contenant 46 chromosomes et $4n$ quantité d'ADN. La deuxième division de méiose (méiose II) est une division équationnelle avec formation de cellules filles contenant 23 chromosomes et $1n$ quantité d'ADN. Au cours de la méiose, il y a appariement des chromosomes homologues pour former des bivalents au niveau desquels vont se réaliser les recombinaisons génétiques. Ainsi, les chromosomes présents dans les gamètes sont des chromosomes recombinés à partir des chromosomes de l'individu.

II. Nomenclature et structure des chromosomes

On appelle « caryotype » l'ensemble des chromosomes qui contiennent le génome d'un individu. Le nombre et la structure des chromosomes sont caractéristiques d'une espèce donnée. Le caryotype humain normal comporte 46 chromosomes. Dans l'espèce humaine, il existe 22 paires d'autosomes (1 à 22), et une paire de gonosomes ou chromosomes sexuels (X, Y). La formule chromosomique normale est 46,XX chez la femme et 46,XY chez l'homme. Les 24 chromosomes du génome sont caractérisés par leur taille, la position de leur centromère et leur profil de bandes.

Chaque chromosome comporte un centromère qui contient le kinétochore correspondant au centre d'organisation des microtubules responsable de la fixation des chromosomes au fuseau mitotique lors de la mitose. En métaphase, les deux chromatides sœurs sont unies au niveau du centromère (fig. 1).

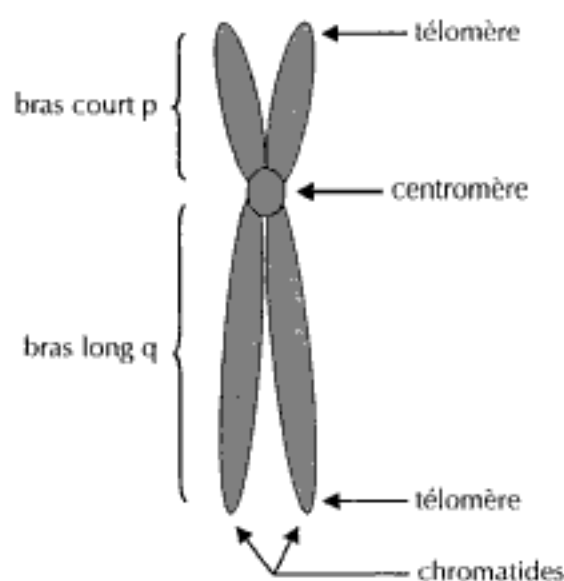


Figure 1. Morphologie des chromosomes en métaphase

De part et d'autre du centromère, une chromatide présente deux bras : le bras court appelé « p », placé en haut sur un caryotype, et le bras long appelé « q », placé en dessous du centromère. Si le bras court est presque aussi long que le bras long, le chromosome est dit « métacentrique ». S'il est nettement plus court, le chromosome est dit « submétacentrique ». Enfin, si ce bras p est très petit, le chromosome est dit « acrocentrique ». Les chromosomes acrocentriques sont les chromosomes 13, 14, 15, 21 et 22. Les chromosomes acrocentriques portent sur leurs bras courts de l'hétérochromatine et des régions impliquées dans l'organisation nucléolaire (NOR) et codant pour l'ARN ribosomal (également appelé « ARN ribosomal »).

Chaque extrémité des chromosomes au niveau des bras courts (p) et des bras longs (q) se termine par un télomère, séquence d'ADN répétitive hautement conservée qui empêche les fusions avec d'autres chromosomes. Ces séquences ont aussi un rôle dans l'attachement des télomères à l'enveloppe nucléaire, en particulier lors de la méiose. Le raccourcissement des télomères est un phénomène associé au vieillissement cellulaire.

Chaque bras d'un chromosome est arbitrairement divisé en régions, notées de 1 à 4 (pour certains chromosomes) en partant du centromère (fig. 2).

Chaque région est divisée en bandes, entités visibles pâles ou foncées après usage des techniques de dénaturation. Chaque bande peut, si nécessaire, être divisée en sous-bandes (chromosomes en prophase, moins condensés, et donc montrant plus de détails). Ainsi, une localisation sur un chromosome sera définie par le numéro du chromosome où se trouve cette localisation, suivi de la lettre indiquant le bras impliqué (p ou q), suivie des numéros de région, de bande, voire de sous-bande.

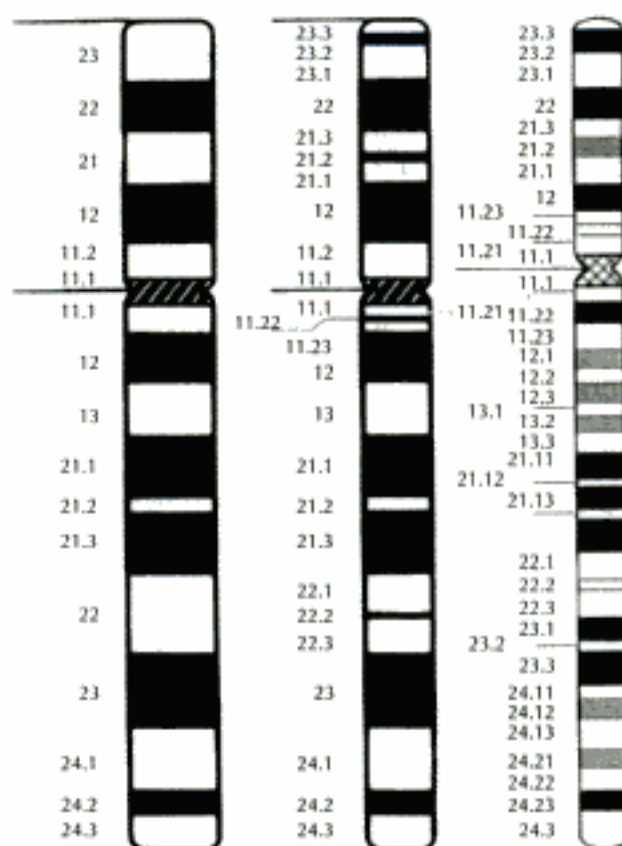


Figure 2. Idéogramme du chromosome 8 en bandes G montrant les différentes régions, bandes et sous bandes chromosomiques en fonction de la résolution de l'analyse chromosomique

III. Techniques cytogénétiques

Les chromosomes sont visibles en microscopie optique lorsqu'ils sont compactés au stade de la métaphase. Un caryotype standard nécessite donc une culture cellulaire pour obtenir des cellules en division (fig. 3).

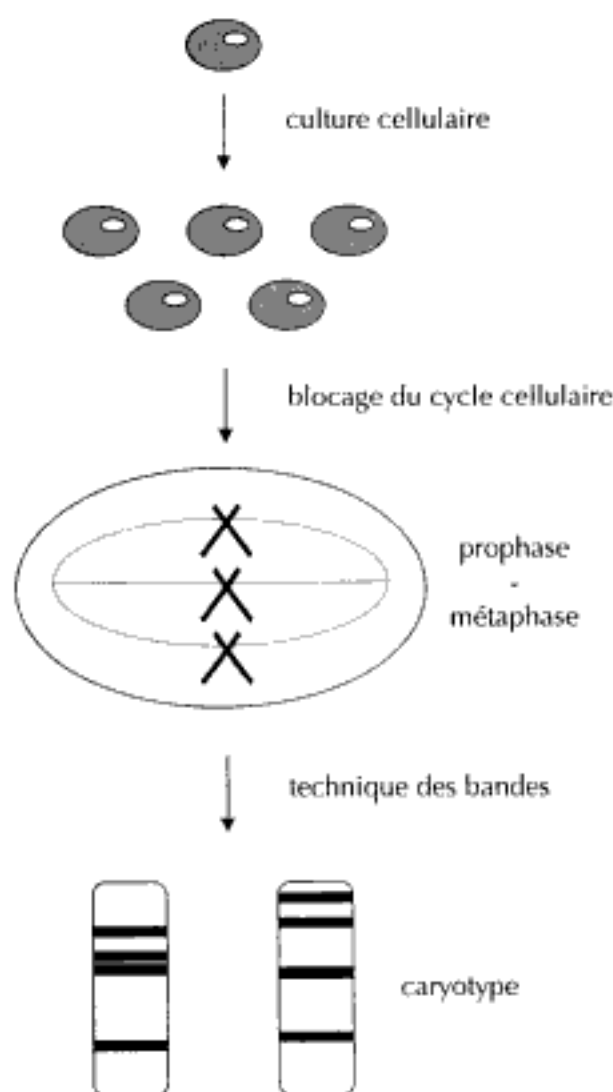


Figure 3. Obtention du caryotype après culture cellulaire

A. Cellules utilisées

Un caryotype standard peut être établi à partir de n'importe quel tissu dont les cellules peuvent se diviser. Les cellules les plus fréquemment utilisées chez l'homme sont les lymphocytes, les cellules de la moelle osseuse, les cellules de liquide amniotique, les cellules trophoblastiques et les fibroblastes. Les cellules sont cultivées *in vitro* en présence de milieux de culture. Les conditions et les durées de culture sont différentes selon le type cellulaire.

D'autres cellules comme les gamètes et les cellules embryonnaires peuvent être analysées en utilisant plus particulièrement les techniques de cytogénétique moléculaire.

1. Lymphocytes

Le sang total est placé dans un milieu nutritif en solution dans un tube. Les lymphocytes sont activés par l'utilisation d'un mitogène, la phytohémagglutinine. Les lymphocytes sont incubés pendant 48 à 72 heures à 37 °C.

2. Cellules de la moelle osseuse

En oncohématologie, le caryotype des cellules malignes est un examen indispensable. Son étude nécessite un prélèvement de moelle osseuse. La méthodologie est similaire à celle des lymphocytes mais sans utilisation de mitogènes.

3. Cellules amniotiques

Après centrifugation, le culot cellulaire obtenu est mis en culture dans des flacons en plastique ou sur des lames à 37 °C sous atmosphère contrôlée (5 % CO₂). Les cellules adhèrent au support et se multiplient en formant des clones cellulaires. Lorsque la taille des clones cellulaires est suffisante (au bout de, en moyenne, une semaine), les cellules sont traitées pour l'obtention des chromosomes.

4. Cellules trophoblastiques

Les cellules trophoblastiques sont prélevées par biopsie de villosités choriales. Les cellules trophoblastiques se divisent activement et il est donc possible d'obtenir des métaphases en réalisant un examen direct sans culture cellulaire le jour même de la biopsie.

5. Fibroblastes

Les fibroblastes sont obtenus après biopsie de tissu le plus souvent cutané. Les explants cutanés sont répartis dans des boîtes plastiques. Les cultures sont incubées à 37 °C sous atmosphère contrôlée (5 % CO₂). Lorsque la taille des clones cellulaires est suffisante (au bout de, en moyenne, une semaine), les cellules sont décollées du support plastique par action enzymatique.

6. Gamètes

Le contenu chromosomique des ovocytes et des spermatozoïdes peut être analysé par les techniques de cytogénétique classique et moléculaire.

7. Cellules embryonnaires

Après fécondation *in vitro*, les cellules embryonnaires (blastomères) peuvent être biopsiées sur un embryon au troisième jour de développement. Les blastomères biopsiés sont fixés sur des lames de verre. La recherche d'anomalies chromosomiques ou le diagnostic de sexe dans le cadre d'un diagnostic cytogénétique préimplantatoire sont ensuite réalisés en utilisant les techniques d'hybridation *in situ* fluorescente avec des sondes chromosomiques.

B. Obtention des préparations chromosomiques

Les cellules cultivées sont bloquées au stade de la métaphase en utilisant un poison du fuseau mitotique, la colchicine. Un choc hypotonique est ensuite réalisé pour permettre une dispersion modérée des chromosomes et éviter un enchevêtrement des chromosomes. Après plusieurs fixations à l'alcool et à l'acide acétique, les chromosomes sont étalés sur des lames de verre. Après la réalisation des techniques de dénaturation des chromosomes, les préparations chromosomiques sont colorées et analysées en microscopie.

C. Marquages en bandes

Le marquage en bandes permet d'obtenir des bandes claires et sombres le long des chromosomes. Le profil de ces bandes est caractéristique d'un chromosome donné. Le caryotype standard comporte trois cents à quatre cents bandes par génome haploïde (soit 23 chromosomes). La taille d'une bande observée dans un caryotype standard est de l'ordre de 10 à 20 mégabases (1 mégabase est égale à 1 million de paires de bases).

Les principaux types de marquage de bandes sont :

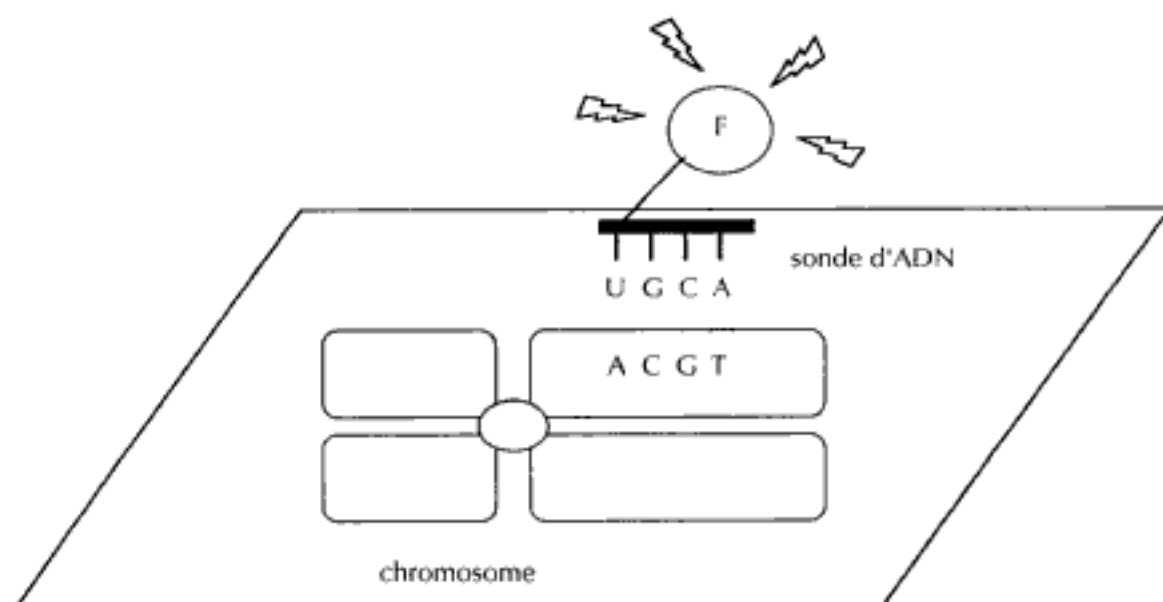
- le marquage en bandes Q utilisant un fluorochrome, la quinacrine. Les régions chromosomiques fluorescentes en bandes Q sont caractérisées par leur richesse en séquences AT ;
- le marquage en bandes G est obtenu par digestion enzymatique (trypsine) des chromosomes suivie d'une coloration au Giemsa. La répartition des bandes G est similaire à celle des bandes Q ;
- le marquage en bandes R est obtenu par dénaturation thermique des chromosomes suivie d'une coloration au Giemsa. Le marquage est inversé à celui des bandes G. Les bandes R sont riches en séquences GC. Elles correspondraient aux régions chromosomiques comportant un plus grand nombre de gènes ;
- le marquage en bandes C est spécifique des régions centromériques et de l'hétérochromatine des chromosomes 1, 9, 16 et Y ;
- le marquage en bandes T est spécifique des régions télomériques des chromosomes.

D. Caryotype haute résolution

Des techniques plus résolutes ont été développées pour obtenir des chromosomes au stade de la prométaphase. Les chromosomes sont ainsi moins condensés qu'au stade de la métaphase. Après marquages de bandes R ou G, on obtient des caryotypes de six cents à huit cents, voire mille bandes et sous-bandes par lot haploïde. La taille d'une sous-bande pouvant être observée par les techniques de haute résolution est de l'ordre de 2 à 5 mégabases. Le caryotype à haute résolution permet de détecter des remaniements de petite taille comme des délétions interstitielles. Il permet aussi de définir de façon plus précise les points de cassure dans les translocations.

E. Hybridation *in situ* fluorescente (FISH)

La FISH est une technique fondée sur le principe de la complémentarité des nucléotides. Cette technique permet de visualiser et de localiser un fragment d'ADN sur les chromosomes par hybridation de la séquence d'ADN complémentaire appelée « sonde » (fig. 4). Ces sondes sont marquées par l'incorporation de nucléotides modifiés chimiquement (biotine, digoxigénine). Ce couplage du nucléotide à un haptène rend la sonde antigénique et permet ainsi une détection de l'hybridation par une réaction immunocytochimique utilisant des anticorps fluorescents. La possibilité d'utiliser des nucléotides couplés à un fluorochrome permet une détection directe de la sonde. La sonde marquée et l'ADN cible (chromosomes métaphasiques ou noyaux interphasiques) sont dénaturés avant de réaliser l'hybridation. L'hybridation non spécifique de séquences répétées pouvant être présentes dans la sonde est éliminée par l'utilisation d'ADN Cot1. L'hybridation ADN cible-sonde est effectuée à 37 °C en chambre humide, pendant une nuit le plus souvent. Après hybridation, des lavages sont réalisés pour éliminer l'excès de sonde non lié à l'ADN cible. Ensuite, les signaux d'hybridation sont observés en microscopie à épifluorescence. L'utilisation de fluorochromes différents permet de réaliser une FISH multicouleurs dans le dessein d'analyser plusieurs chromosomes dans une même cellule.



A : adénine
C : cytosine
T : thymidine
G : guanine
U : uridine
F : fluorochrome

Figure 4. Principe de l'hybridation *in situ* fluorescente d'une sonde d'ADN sur chromosome

Les progrès en biologie moléculaire rendent maintenant possible la fabrication d'une grande variété de sondes chromosomiques (fig. 5). Les sondes utilisées pour la FISH sont équivalentes à celles utilisées pour les autres méthodes de biologie

moléculaire. Elles doivent être complémentaires de l'acide nucléique cible et doivent être marquées pour permettre leur détection. Différents types de sondes correspondant à des régions chromosomiques précises peuvent être utilisés.

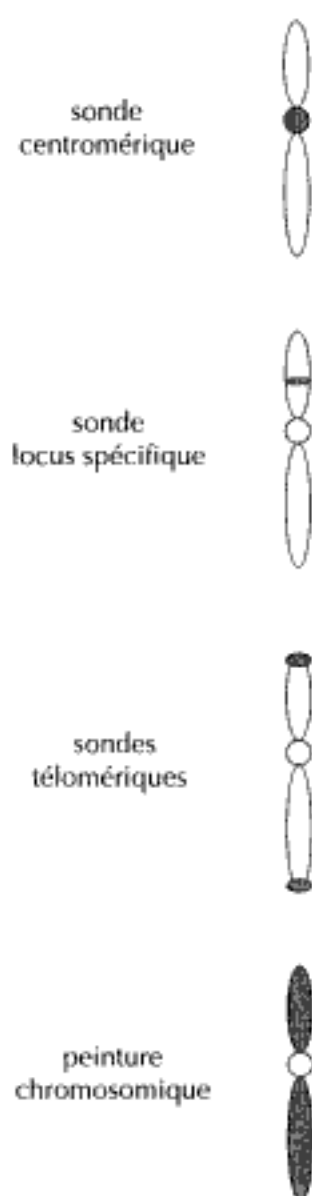
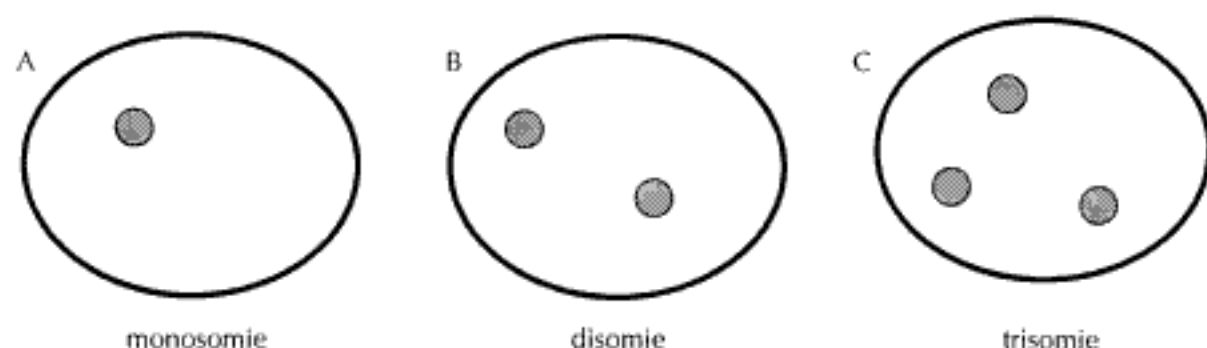


Figure 5. Sondes chromosomiques utilisées en FISH

Les *sondes centromériques* reconnaissent les séquences d'ADN satellite α et β localisées dans les régions centromériques ou péricentromériques des chromosomes. Les séquences alphoïdes, situées au niveau des régions centromériques des chromosomes, sont le plus souvent utilisées pour la détection des aneuploïdies. Elles comportent une séquence spécifique de 171 paires de bases caractéristiques à chaque chromosome dont l'arrangement linéaire en tandem est propre à un chromosome donné. L'utilisation de ce type de sonde permet de dénombrer facilement les chromosomes dans les noyaux en interphase (fig. 6). Cela permet de détecter rapidement dans un grand nombre de cellules des anomalies du nombre des chromosomes et ne nécessite pas de culture cellulaire puisque les chromosomes sont accessibles aux sondes en interphase.



Un signal d'hybridation (A) correspond à une monosomie, deux signaux d'hybridation (B) à une disomie, trois signaux d'hybridation (C) à une trisomie.

Figure 6. Analyse des cellules en interphase par FISH avec une sonde centromérique d'un chromosome donné

Les sondes spécifiques d'un locus donné correspondent à des séquences d'ADN. Elles sont insérées selon les cas dans des vecteurs de type plasmide, phage, cosmide, chromosome artificiel de levure (YAC) ou chromosome artificiel bactérien (BAC). La taille des fragments d'ADN utilisés comme sonde varie en général d'une vingtaine de kilobases (vingt mille paires de bases) à 2 000 kilobases (deux millions de paires de bases). L'utilisation de ces sondes permet de détecter des petites délétions, insertions ou inversions, non visibles par l'étude du caryotype standard ou du caryotype en haute résolution.

Les sondes télomériques sont spécifiques des extrémités terminales des bras court et long des chromosomes. Elles permettent de mettre en évidence des anomalies chromosomiques impliquant les régions télomériques des chromosomes, difficiles à visualiser avec les techniques de bandes.

Les sondes de peinture chromosomique sont spécifiques d'un chromosome entier ou d'une région chromosomique. Elles correspondent à l'association de sondes spécifiques d'un même chromosome et permettent de visualiser une partie ou la totalité de ce chromosome. Celles-ci peuvent être obtenues par PCR à partir de chromosomes triés par cytométrie en flux, soit à partir d'hybride cellulaire interspécifique, soit par microdissection chromosomique. Ce type de sonde est utilisé en particulier pour l'étude des translocations chromosomiques. Ces différents types de sondes peuvent être utilisés sur les chromosomes métaphasiques ou dans les noyaux interphasiques de cellules non cultivées. L'analyse en interphase est particulièrement utile pour les tissus dont la culture est difficile à induire *in vitro*. De nombreux tissus peuvent être analysés par FISH, comme les cellules hématopoïétiques (sang, moelle), les cellules amniotiques, les cellules trophoblastiques, les fibroblastes, les gamètes, les blastomères ou les cellules tumorales.

F. Hybridation génomique comparative

L'hybridation génomique comparative (CGH) est une technique d'hybridation *in situ* modifiée qui permet la détection et la cartographie du ratio d'hybridation entre deux génomes en une seule expérience. Dans l'analyse par CGH, deux ADN génomiques (test et référence) marqués par deux fluorochromes différents sont cohybridés sur des métaphases normales ou sur des puces à ADN. La localisation de modi-

fications de séquences d'ADN de l'échantillon test est révélée par une variabilité du ratio des intensités de fluorescence le long de chaque chromosome ou au niveau des clones d'ADN de la puce à ADN. Depuis son développement, la CGH a été appliquée comme outil de recherche dans le domaine de la cytogénétique cancérologique pour caractériser des modifications génétiques dans des régions chromosomiques inconnues auparavant. La CGH est aussi utilisée en cytogénétique clinique pour la détection et l'identification des anomalies chromosomiques déséquilibrées.

G. Caryotype en flux

La cytométrie en flux est une technique qui permet d'analyser des cellules en suspension selon leurs tailles et leurs fluorescences. En utilisant cette technique, les chromosomes peuvent être caractérisés en fonction de leur longueur et de leur contenu en ADN permettant d'établir un caryotype en flux. Un caryotype en flux peut être suivi d'un tri permettant de recueillir chaque chromosome de façon isolée.

IV. Anomalies chromosomiques

Le caryotype permet de mettre en évidence des anomalies du nombre des chromosomes et des anomalies de la structure des chromosomes. Ces anomalies chromosomiques peuvent être constitutionnelles ou acquises, homogènes ou en mosaïque.

A. Anomalies constitutionnelles

Les différents organes d'un individu ont la même anomalie chromosomique. L'accident chromosomique existait déjà chez l'embryon. Il s'est produit avant la fécondation, dans l'un des gamètes, ou peu après, dans une des cellules du zygote. Le sujet porteur d'une anomalie chromosomique déséquilibrée a souvent une dysmorphie et/ou des malformations viscérales, et/ou un retard du développement psychomoteur.

B. Anomalies acquises

L'anomalie chromosomique est observée dans un seul organe, les autres organes sont normaux. Cette anomalie est survenue au cours de la vie de l'individu. Elle est acquise par rapport au caryotype constitutionnel. L'anomalie chromosomique acquise est le plus souvent associée à un processus cancéreux sur l'organe impliqué.

C. Anomalies homogènes

Une anomalie chromosomique homogène est une anomalie chromosomique présente dans toutes les cellules du tissu analysé.

D. Anomalies en mosaïque

Une anomalie chromosomique en mosaïque correspond à la présence de deux (ou plus) populations cellulaires à contenu chromosomique différent mais provenant du même zygote. Le caryotype d'un clone cellulaire dans une mosaïque doit être observé dans au moins 2 % des cellules analysées. Une mosaïque peut être observée dans un tissu et pas dans un autre. Ainsi, en cas de suspicion d'une anomalie chromosomique en mosaïque chez un individu avec un caryotype sanguin normal, il est nécessaire de réaliser un caryotype à partir d'un prélèvement de cellules provenant d'un autre tissu (par exemple, une biopsie cutanée). Une mosaïque est notée par une barre oblique entre les deux clones décrits (trisomie 21 en mosaïque : 46,XY/47,XY,+21). Le mécanisme de survenue d'une mosaïque est une non-disjonction mitotique postzygotique avec la constitution d'au moins deux lignées cellulaires possédant des caryotypes différents et continuant d'évoluer au sein du même organisme. Ainsi une non-disjonction mitotique survenue au niveau des chromosomes 21 chez un zygote 46,XY après plusieurs divisions cellulaires entraînera-t-elle au niveau d'une cellule fille trois chromatides sur les quatre (trisomie 21), et au niveau de l'autre cellule fille une chromatide (monosomie 21). Les autres cellules du zygote se divisent normalement. Dans cet exemple de la trisomie 21 en mosaïque, le clone monosomique 21, non viable, disparaît.

Les mosaïques sont fréquentes dans les processus cancéreux, soit parce que des cellules normales persistent, soit parce que le clone tumoral engendre des sous-clones porteurs d'anomalies chromosomiques additionnelles, dites aussi « anomalies secondaires » (notion d'évolution clonale). Les mosaïques sont à différencier des chimères qui résultent de la fusion de deux zygotes (ou plus) distincts. Dans les chimères, les génotypes des différentes lignées sont dissemblables. Les anomalies chromosomiques peuvent être des anomalies du nombre des chromosomes ou des anomalies de structure des chromosomes. Elles peuvent impliquer un ou plusieurs chromosomes.

E. Anomalies de nombre des chromosomes

1. Polyploïdies

Les polyploïdies correspondent à un nombre de chromosomes égal à un multiple du complément haploïde de chromosomes. Les seules polyploïdies observées dans l'espèce humaine sont la triploïdie (69 chromosomes) et la tétraploïdie (92 chromosomes). Ces anomalies chromosomiques ont été exceptionnellement décrites chez des nouveau-nés vivants et ne sont jamais viables. Les triploïdies sont fréquemment observées dans les produits d'avortements spontanés précoces. Les tétraploïdies sont plus rares. Le mécanisme de formation des triploïdies est double, soit par digynie (non-expulsion du deuxième globule polaire), soit par diandrie (fécondation d'un ovocyte par deux spermatozoïdes). La diandrie est quatre fois plus fréquente que la digynie.

2. Aneuploïdies

Les aneuploïdies sont définies par un nombre de chromosomes supérieur ou inférieur à un multiple d'un complément chromosomique haploïde. Il peut s'agir de

nullisomies (absence totale d'un chromosome), de monosomies (absence d'un chromosome), de trisomies ou de tétrasomies. Les anomalies de nombre les plus fréquentes sont les trisomies et les monosomies.

a) Les trisomies

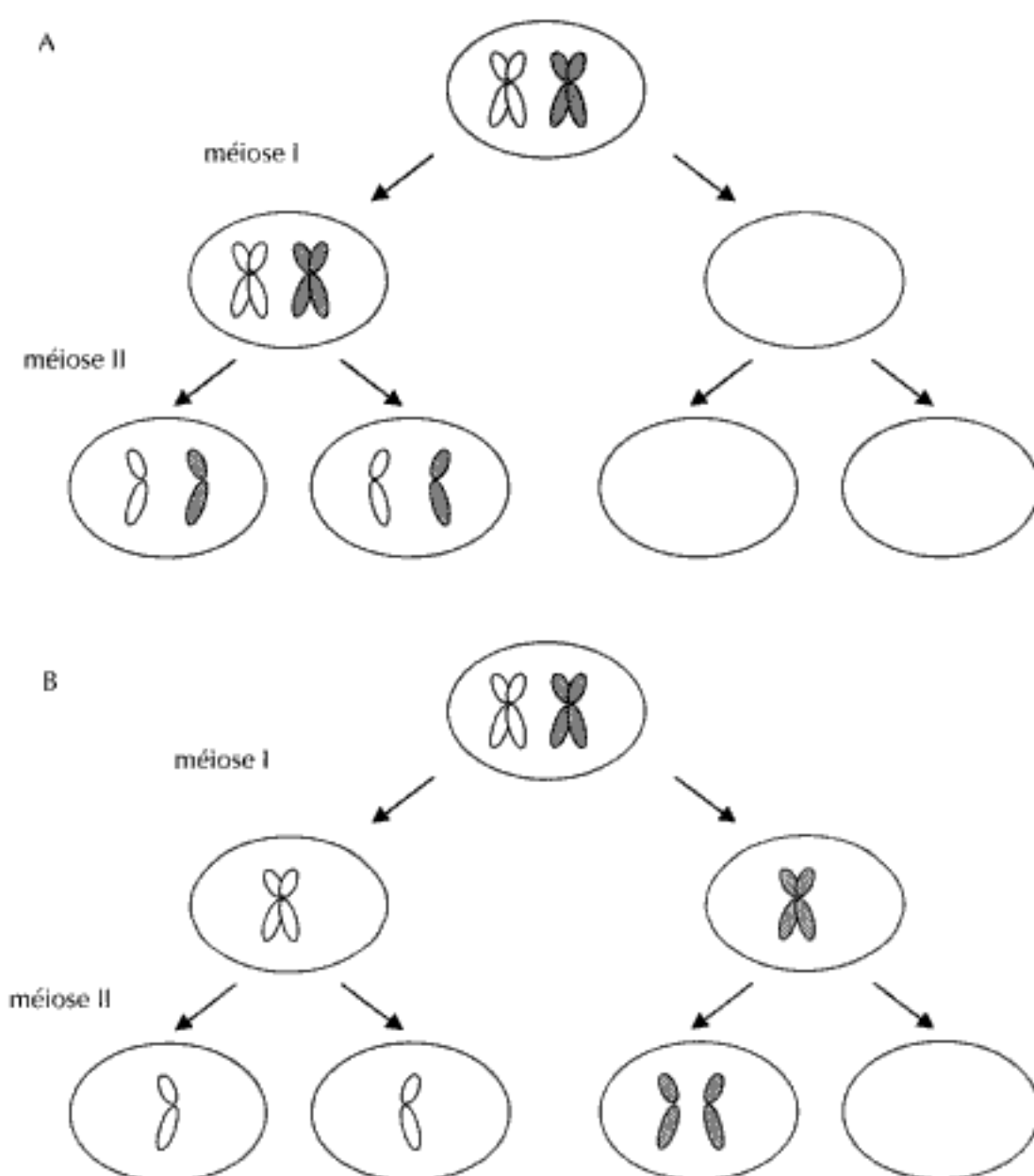
Elles correspondent à la présence d'un chromosome surnuméraire (fig. 7).



Figure 7. Caryotype en bandes G montrant une trisomie 21 (47,XY,+21)

Le caryotype comporte 47 chromosomes. Les trisomies constituent l'anomalie chromosomique la plus fréquente chez l'homme. Elles surviennent dans au moins 4 % des grossesses reconnues cliniquement. Les trisomies peuvent exister pour n'importe quel chromosome, mais la trisomie pour un chromosome entier est rarement compatible avec la vie. La plupart des trisomies sont à l'origine d'avortements précoces du premier trimestre. Les trisomies les plus fréquemment observées à la naissance concernent les chromosomes 13, 18, 21 et les chromosomes sexuels. Ces trisomies sont observées chez 0,3 % des nouveau-nés. Seules la trisomie 21 et les anomalies de nombres des gonosomes sont viables à long terme. La trisomie 16, fréquemment observée dans les produits de fausse-couche, n'est pas compatible avec un développement fœtal à terme.

Ces trisomies dites « libres », non liées à une translocation, ne sont généralement jamais familiales. Elles résultent d'une non-disjonction lors de la division méiotique avec formation d'un gamète porteur d'un chromosome surnuméraire (fig. 8). Une non-disjonction en première division de méiose produit quatre gamètes déséquilibrés. Une non-disjonction en deuxième division de méiose produit deux gamètes déséquilibrés et deux gamètes normaux. Il s'agit d'un phénomène très fréquent, compensé le plus souvent par l'élimination précoce du conceptus déséquilibré.



A) en méiose I, B) en méiose II.

Figure 8. Non-disjonction méiotique

b) Les monosomies

Elles correspondent à l'absence d'un chromosome dans les cellules d'un individu. Les monosomies ont un effet délétère plus important sur le développement embryonnaire et entraînent donc des avortements très précoces. Seule la monosomie X (45,X), responsable du syndrome de Turner, peut se développer à terme et être viable.

F. Anomalies de structure des chromosomes

Les anomalies de la structure des chromosomes sont définies par l'existence d'une ou plusieurs cassures chromosomiques suivies d'une reconstitution des chromosomes remaniés, appelés « dérivés ». Ces remaniements chromosomiques peuvent

survenir spontanément ou être induits par des agents cassant les chromosomes (clastogènes) comme les radiations, certains virus ou certains agents chimiques. Les anomalies de structure sont moins fréquentes que les anomalies de nombre des chromosomes. Elles surviennent dans environ 1/1 200 naissances vivantes. Les différents types d'anomalies de structure des chromosomes observés correspondent aux translocations (fig. 9), aux délétions, duplications, inversions, isochromosomes, insertions et anneaux (fig. 10).

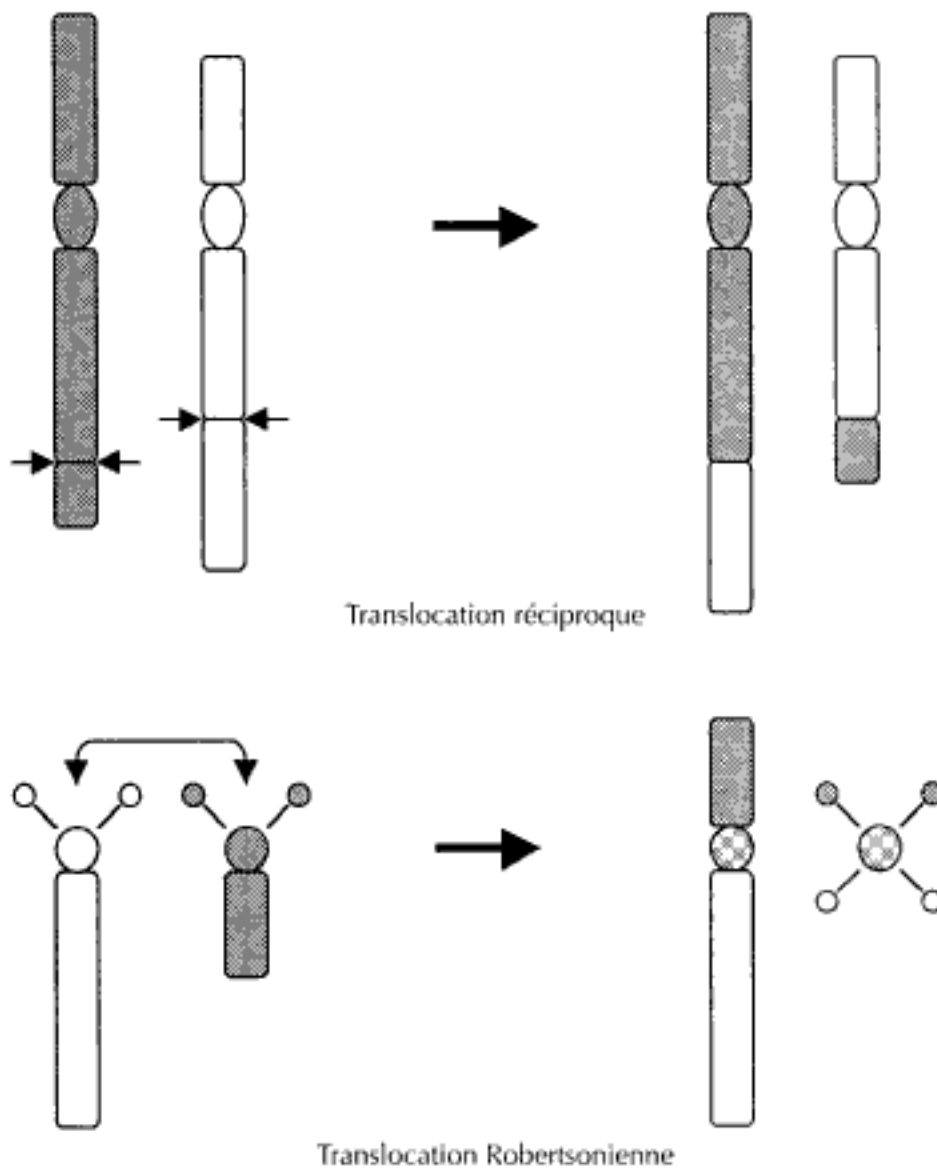


Figure 9. Mécanismes de formation des translocations réciproque et robertsonienne

1. Translocations

Elles correspondent à des échanges de segments chromosomiques entre deux chromosomes. Il existe deux grands types de translocations : réciproques et Robertsoniennes.

a) Translocations réciproques

Les translocations réciproques sont dues à la cassure de deux chromosomes non homologues suivie d'un échange réciproque des segments chromosomiques cas-

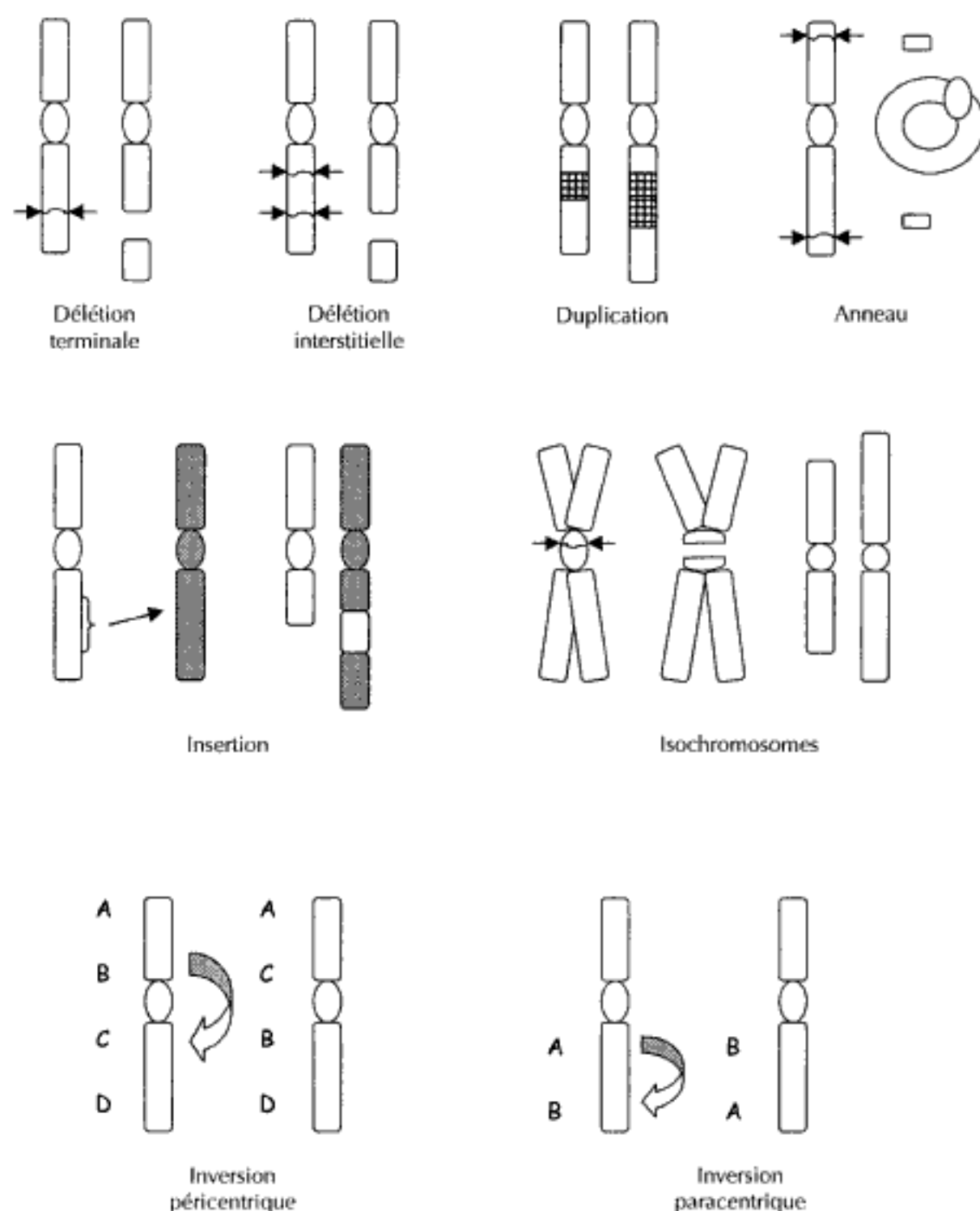


Figure 10. Mécanismes de formation des anomalies de structure des chromosomes

sés. Leur fréquence est de 1/1 000 à la naissance. Tous les chromosomes peuvent être concernés par un tel réarrangement. Cependant, la très grande majorité des translocations s'opère entre deux autosomes. Les translocations impliquant un ou deux gonosomes : translocations (X;autosome), (Y;autosome) ou (X;Y) sont exceptionnelles. Le caryotype qui résulte d'une translocation réciproque comporte 46 chromosomes (fig. 11). La translocation est dite « équilibrée » s'il n'y a ni perte ni excès de matériel génétique. Dans le cas contraire, la translocation est dite « déséquilibrée ».

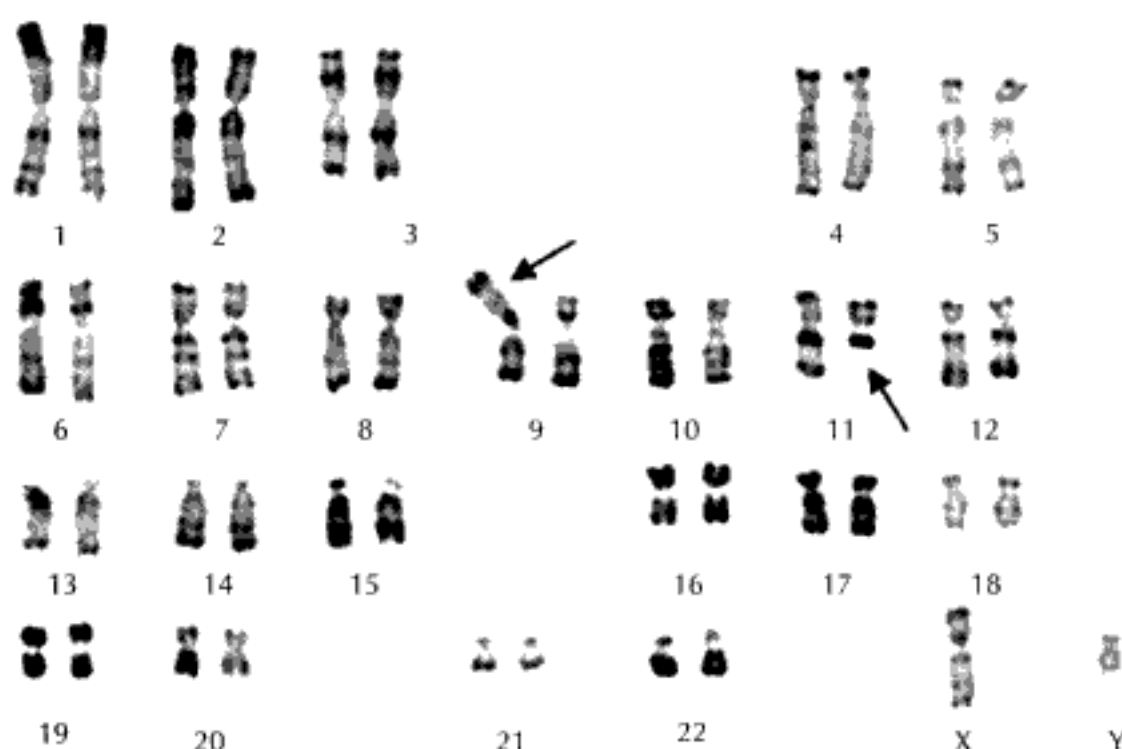
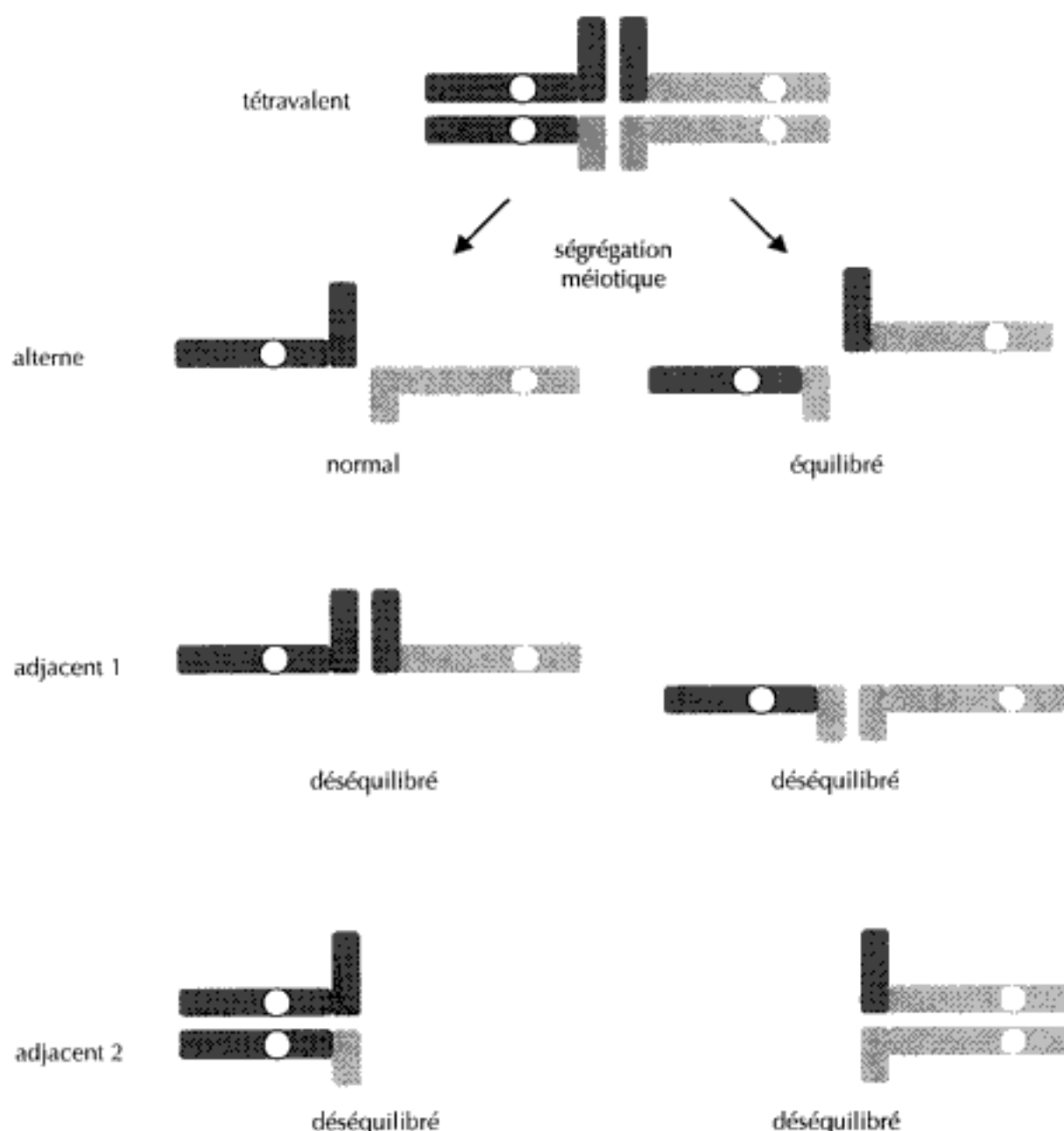


Figure 11. Caryotype en bandes R montrant une translocation réciproque entre le bras court d'un chromosome 9 et le bras long d'un chromosome 11 [46,XY,t(9;11)(p23;q13)].
Les flèches indiquent les chromosomes transloqués

Dans environ 90 % des cas de translocations équilibrées, il n'y a pas de conséquences sur le phénotype. Cependant, la ségrégation méiotique des chromosomes transloqués peut être à l'origine de déséquilibres chromosomiques pour la descendance. Les couples dont l'un des conjoints est porteur d'une translocation réciproque équilibrée sont donc à risque de stérilité, de fausses-couches spontanées et d'enfants viables malformés en fonction de la nature et de la taille des segments transloqués. Il est estimé que dans un couple sur six cent, l'un des partenaires est porteur d'une translocation équilibrée.

En méiose, les chromosomes homologues s'apparient normalement en bivalent, permettant les recombinaisons génétiques entre les chromatides. Dans les cas de translocation réciproque, la seule manière d'apparier chaque région chromosomique homologue est de former un tétravalent ou quadrivalent (fig. 12). La ségrégation des chromatides à partir du tétravalent peut se faire selon les modes suivants :

- le type alterne associe soit les deux chromosomes normaux, soit les deux chromosomes transloqués produisant ainsi des gamètes normaux, ou porteurs équilibrés de la translocation parentale ;
- le type adjacent 1 associe un chromosome normal avec le chromosome transloqué de l'autre paire ;
- le type adjacent 2 associe un chromosome normal avec son homologue transloqué ;
- le type 3:1 associe soit un chromosome transloqué transmis avec les homologues normaux dans une cellule fille, et l'autre chromosome transloqué dans l'autre cellule, soit un homologue normal transmis avec les deux chromosomes transloqués dans une cellule, et l'autre chromosome normal dans l'autre cellule.



Appariement de la translocation réciproque et des chromosomes homologues sous la forme d'un tétravalent. Le mode alterne produit des gamètes équilibrés. Les modes adjacent -1 et -2 produisent des gamètes déséquilibrés. Les gamètes déséquilibrés sont à l'origine de zygotes avec trisomie partielle et monosomie partielle des chromosomes impliqués dans la translocation.

Figure 12. Principaux modes de ségrégation méiotique des translocations réciproques

Dans le type alterne, après fécondation, les zygotes seront équilibrés. Dans les types adjacent 1 et 2, après fécondation, les zygotes comporteront 46 chromosomes et seront déséquilibrés. Dans la ségrégation 3:1, les zygotes formés comporteront 47 ou 45 chromosomes. Le type adjacent 1 est le mode de ségrégation déséquilibrée le plus fréquemment observé.

D'une façon générale, les zygotes déséquilibrés produits sont d'autant moins viables que les segments qui ont été échangés sont plus grands. Le risque moyen de déséquilibre d'une translocation réciproque varie entre 5 et 20 % justifiant un diagnostic prénatal ou même préimplantatoire. Dans 10 % des cas, les translocations

réciroques sont associées à un phénotype anormal (malformations, retard mental). Un des mécanismes possibles est l'existence au niveau des points de cassure d'une microdélétion non visible en caryotype standard ou caryotype à haute résolution. Un autre mécanisme est l'interruption d'une séquence d'un gène au niveau du point de cassure entraînant l'expression d'une maladie dominante autosomique, d'une maladie récessive liée à l'X ou d'une maladie autosomique récessive si l'autre allèle est muté. Les translocations réciroques sont aussi observées de façon fréquente dans les processus cancéreux.

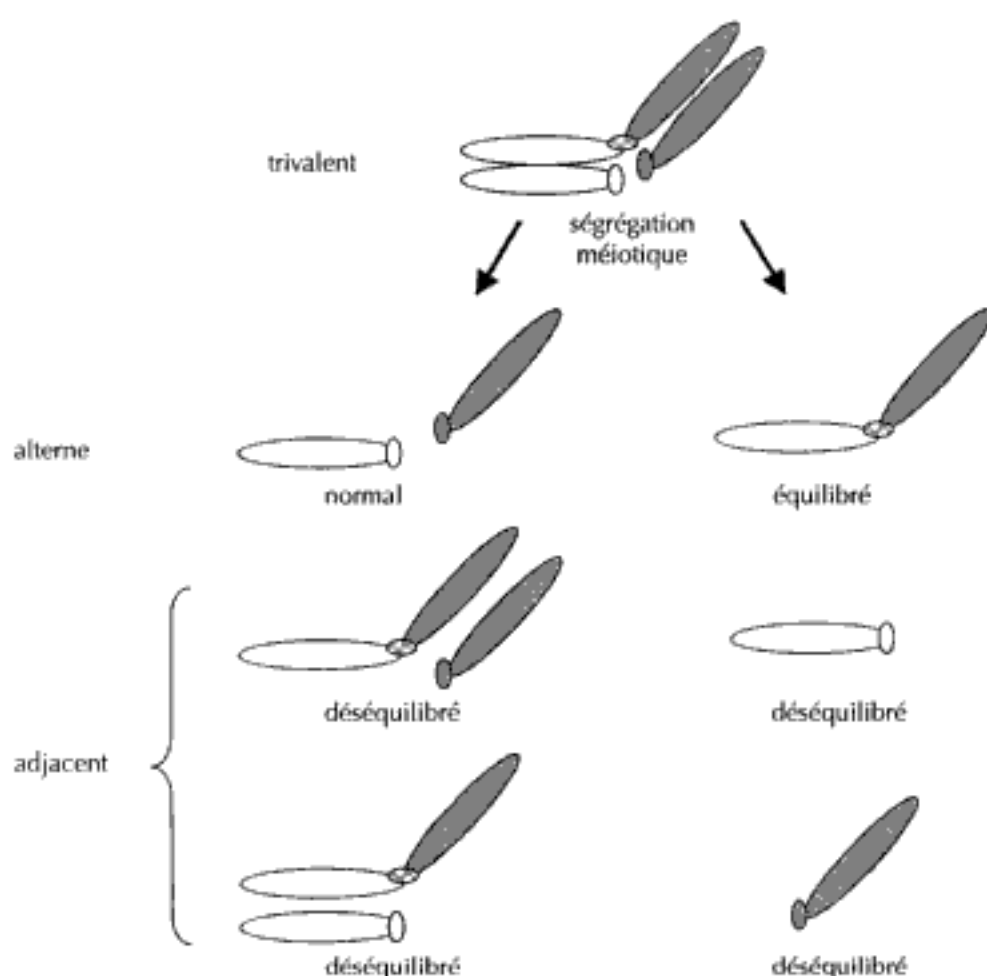
b) Translocations Robertsoniennes

Elles correspondent à la fusion de deux chromosomes acrocentriques (13, 14, 15, 21, 22) au niveau ou à proximité des centromères. Si la fusion se produit au niveau des bras courts, le chromosome transloqué est dicentrique, possédant deux centromères. L'un des deux centromères est généralement inactivé, permettant au chromosome remanié de se comporter comme un chromosome monocentrique. Le chromosome remanié comporte dans tous les cas les bras longs des deux chromosomes acrocentriques concernés, alors que les bras courts sont généralement perdus.

Le caryotype est pourtant dit « équilibré », parce que la perte des bras courts de deux chromosomes acrocentriques est sans retentissement sur le phénotype. En effet, les bras courts des cinq paires de chromosomes acrocentriques possédant de multiples copies des gènes codant pour l'ARN ribosomal, la perte des bras courts de deux chromosomes acrocentriques est sans conséquence. Le caryotype d'un individu porteur de la translocation équilibrée comporte 45 chromosomes. Les translocations Robertsoniennes représentent les anomalies chromosomiques de structure les plus fréquentes dans la population humaine (1/1 000 naissances). Toutes les combinaisons entre acrocentriques ne sont pas aussi fréquentes. La plus fréquente est la translocation (13;14).

Ce type de translocation est en général sans effet sur le phénotype, mais il expose à la constitution de gamètes déséquilibrés, pouvant être responsables en particulier de trisomies 13 ou 21 si la translocation Robertsonienne concerne l'un de ces chromosomes. En méiose, le chromosome transloqué forme avec les deux chromosomes homologues normaux un trivalent (fig. 13). Cet appariement méiotique peut conduire à un déséquilibre de ségrégation ou à un trouble de la spermatogénèse. Le risque chromosomique dépend d'une part des chromosomes acrocentriques impliqués et d'autre part du sexe du parent porteur de la translocation. Par exemple, dans le cas d'une translocation (14;21), le risque de trisomie 21 dans la descendance est de 15 % si c'est la mère qui est porteuse de la translocation et de 2,5 % si c'est le père qui en est porteur. Dans le cas d'une translocation (21;21) chez l'un des parents, le risque de trisomie 21 dans la descendance est de 100 %. Il existe donc un risque de récurrence de trisomie lorsque l'un des parents est porteur d'une translocation robertsonienne.

Une autre conséquence possible des translocations Robertsoniennes est la disomie uniparentale. La disomie uniparentale correspond à la présence chez un individu de chromosomes homologues provenant du même parent avec absence de contribution de l'autre parent pour le chromosome impliqué. Des anomalies du phénotype ont été décrites dans les disomies parentales des chromosomes 14 et 15.



Appariement de la translocation Robertsonienne et des chromosomes homologues sous la forme d'un trivalent. La ségrégation en méiose I produit des gamètes équilibrés (mode alterne) ou des gamètes déséquilibrés (mode adjacent). Les gamètes déséquilibrés sont à l'origine de zygotes trisomiques ou monosomiques des chromosomes impliqués dans la translocation.

Figure 13. Ségrégation méiotique des translocations Robertsoniennes

2. Délétions

Elles correspondent à la perte d'un segment chromosomique. Les délétions peuvent être terminales ou interstitielles. Elles entraînent une monosomie partielle pour le segment chromosomique délété. Différents mécanismes peuvent être à l'origine d'une délétion. Il peut s'agir de cassure chromosomique, d'une recombinaison inégale au cours de la méiose entre chromosomes homologues ou du résultat de la malségrégation d'une translocation réciproque. Les délétions surviennent le plus souvent *de novo*. Seulement 10 à 15 % des délétions proviennent de la malségrégation d'un remaniement parental équilibré. Dans ce dernier cas, la délétion peut être pure, ou associée à une trisomie partielle pour un autre chromosome.

Le retentissement sur le phénotype dépend de la taille du segment délété et de son contenu génique. Sur un autosome, le retentissement phénotypique est souvent important. L'emploi des techniques de bandes en haute résolution a permis de décrire un certain nombre de microdélétions chromosomiques associées à des syndromes particuliers. Les phénotypes de ces syndromes sont dus à la perte d'un ou plusieurs gènes à expression soit autosomique dominante, soit récessive, ou bien liée à l'empreinte génomique. Si le gène est à expression autosomique dominante,

la perte du gène sur l'autosome délété entraîne l'expression du phénotype. Par exemple, la délétion 11p13 emporte le gène PAX-6 dont l'hémizygotie est responsable de l'aniridie (absence d'iris). Le gène délété est dose sensible, de sorte que l'haploinsuffisance survient parce que 50 % de l'activité provient exclusivement de la copie du gène restant. Si le gène est à expression autosomique récessive, le trait phénotypique apparaît lorsque le gène est délété sur un des autosomes et muté sur l'autosome homologue. Par exemple, la tumeur de Wilms n'apparaît que si une mutation somatique sur l'autosome homologue est associée à la délétion 11p13. La délétion du gène démasque un allèle récessif au niveau de la copie du gène restant. Si le gène est soumis à l'empreinte génomique, le phénotype apparaît lorsque le gène est délété sur un chromosome et non exprimé car soumis à l'empreinte sur le chromosome homologue. Les signes cliniques sont dus à la délétion de la copie fonctionnelle d'un gène soumis à empreinte génomique. Cela est observé pour les délétions de la région chromosomique 15q11-q12 dans les syndromes de Prader-Willi et d'Angelman. La microdélétion chromosomique est observée sur le chromosome d'origine paternelle dans le syndrome de Prader-Willi et sur le chromosome d'origine maternelle dans le syndrome d'Angelman. Ainsi, bien que ces deux syndromes soient associés à une délétion de la même région chromosomique, les phénotypes (retard mental, troubles du comportement, dysmorphie) diffèrent. Les patients avec une microdélétion chromosomique présentent souvent des signes cliniques caractéristiques, bien qu'il puisse exister des variabilités cliniques entre les individus atteints.

En cancérologie, une délétion acquise peut être responsable de la perte d'un gène suppresseur de tumeur et entraîner une prolifération tumorale, comme dans le rétinoblastome.

Les microdélétions peuvent être observées par l'analyse chromosomique en haute résolution. Cependant, certaines délétions ne peuvent être visualisées par ces techniques et nécessitent l'utilisation de la cytogénétique moléculaire avec des sondes d'ADN. Les techniques d'hybridation *in situ* permettent de caractériser les microdélétions avec des sondes d'ADN spécifiques de la région chromosomique impliquée dans le syndrome. L'existence d'une microdélétion chromosomique se traduira par l'absence d'un signal d'hybridation sur l'un des chromosomes homologues. Ces techniques ont remplacé les techniques de haute résolution. Le choix de la technique dépend aussi de l'anomalie. Une délétion sera recherchée par hybridation *in situ* et une disomie parentale sera caractérisée par l'utilisation de marqueurs polymorphes par PCR.

3. Chromosomes en anneau

Ils correspondent à des délétions plus ou moins étendues au niveau des deux extrémités d'un chromosome suivi d'un recollement du segment intermédiaire aboutissant à la formation d'une structure annulaire. Il en résulte une monosomie partielle pour les segments délétés. Les chromosomes en anneau sont des anomalies chromosomiques rares mais ils ont été observés pour tous les chromosomes humains. Les chromosomes en anneau sont des structures instables au cours des mitoses, entraînant la formation de cellules sans chromosome en anneau ou avec plusieurs chromosomes en anneau.

4. Inversions

Les inversions correspondent à une rotation de 180° d'un segment chromosomique au niveau d'un chromosome. Leur fréquence est de 0,1 à 0,3/1 000. Une inversion nécessite pour se produire deux points de cassure au niveau du chromosome. Les inversions peuvent être paracentriques lorsque les points de cassure sont situés sur le même bras du chromosome, ou péricentriques lorsque les points de cassure sont situés de part et d'autre du centromère et impliquent donc les deux bras du chromosome.

Les inversions équilibrées, comme dans le cas des translocations, sont en général sans effet sur le phénotype, mais comportent des risques d'anomalies chromosomiques pour la descendance. Pour satisfaire aux contraintes d'appariement des segments inversés et des segments non inversés, le chromosome inversé et son homologue forment en prophase de méiose I une image en boucle. Les inversions peuvent se déséquilibrer par un mécanisme méiotique particulier, l'aneusomie de recombinaison, dû à une recombinaison se produisant dans le segment chromosomique inversé. S'il n'y a pas de recombinaison à la méiose dans le segment inversé, la moitié des gamètes comportera le chromosome inversé et l'autre moitié le chromosome homologue normal. S'il se produit une recombinaison dans le segment chromosomique inversé, les chromosomes recombinés comporteront soit une duplication, soit une délétion.

a) Inversion paracentrique

Les inversions paracentriques les plus fréquemment observées sont les inversions paracentriques des chromosomes 1, 3, 5, 7, 11 et 14. Les sujets porteurs d'une inversion paracentrique ont peu de risque pour leur descendance. En méiose, les segments homologues des deux chromosomes homologues s'apparient et forment une boucle d'inversion. Leur descendance vivante est pratiquement pour moitié de sujets à caryotype normal et pour l'autre moitié de sujets porteurs de l'anomalie équilibrée. Dans les inversions paracentriques, les aneusomies de recombinaison aboutissent à un bouleversement très important de l'architecture chromosomique (chromosome dicentrique ou chromosome acentrique) et les déséquilibres obtenus sont généralement non viables.

Le mode de dépistage des inversions paracentriques est le plus souvent fortuit ou par ordre décroissant de fréquence, le fait de fausses-couches, d'enfants handicapés ou d'infertilité.

b) Inversion péricentrique

Certaines inversions péricentriques sont très fréquentes. L'inversion du chromosome 2 [inv(2)(p12q14)] est l'inversion la plus souvent observée en France, liée à la population juive originaire d'Afrique du Nord. De même, l'inversion péricentrique du chromosome 9 [inv(9)(p11q13)] existe chez un individu sur quatre cents environ, avec de grandes variations géographiques. L'inversion du chromosome Y [inv(Y)] existe chez un à 2/1 000 hommes.

Dans les inversions péricentriques, les aneusomies de recombinaison à la méiose aboutissent à la duplication de l'un des segments non inversé et à une délétion de l'autre responsable d'une duplication-déficiencia soit viable (handicap à la naissance), soit létale (fausse-couche).

5. Isochromosome

Les isochromosomes correspondent à des chromosomes comportant deux bras identiques. Il existe donc une perte d'un bras entier d'un chromosome et une duplication de l'autre bras. Il en résulte une monosomie pour le bras perdu et une trisomie pour le bras dupliqué.

L'isochromosome le plus fréquemment observé dans l'espèce humaine est l'isochromosome du bras long du chromosome X [i(Xq)] responsable d'un syndrome de Turner. D'autres isochromosomes ont été décrits, comme l'isochromosome du bras court du chromosome 12 [i(12p)] responsable du syndrome de Pallister-Killian.

Les isochromosomes sont aussi fréquents dans les tumeurs solides et les leucémies, comme l'isochromosome du bras long du chromosome 17 [i(17q)] dans la leucémie myéloïde chronique.

Il existe plusieurs mécanismes possibles de formation d'un isochromosome. Il peut s'agir d'une cassure-délétion de deux chromatides sœurs dans une région péricentromérique avec recollement en U, ou bien d'une translocation d'un bras chromosomique sur la chromatide sœur ou le chromosome homologue au niveau de la région péricentromérique.

6. Insertion

Une insertion correspond à la cassure d'un fragment chromosomique, avec recollement des régions flanquantes et translocation du fragment chromosomique à un autre endroit, soit sur le même chromosome, soit sur un autre. Une insertion est directe si le fragment conserve son orientation par rapport au centromère. Elle est inversée si la bande la plus proximale du fragment se retrouve la plus éloignée du centromère. Cette anomalie chromosomique peut rester équilibrée et stable dans les cellules somatiques au cours des générations cellulaires. Elle est cependant très instable en méiose.

7. Duplication

Une duplication correspond à un dédoublement d'un segment chromosomique. Les duplications peuvent résulter d'une recombinaison inégale au cours de la méiose. Elles peuvent se produire en tandem ou de façon inversée. En tandem, le fragment dupliqué conserve la même orientation que le fragment original. De façon inversée, il prend une orientation inverse du fragment original. Les duplications sont responsables de trisomie partielle pour la région chromosomique dupliquée. Le phénotype est dépendant de la taille et du contenu génique du segment chromosomique dupliqué.

8. Chromosome dicentrique

Un chromosome dicentrique est un chromosome possédant deux centromères. Le mécanisme de formation peut être dû à la fusion de deux chromosomes ou de deux chromatides sœurs au niveau de leurs extrémités.

9. Remaniements chromosomiques complexes

Les remaniements chromosomiques complexes sont des anomalies chromosomiques impliquant plus de deux chromosomes et/ou plus de trois points de cassures.

Ces anomalies chromosomiques se rencontrent fréquemment dans de nombreuses tumeurs solides et lymphomes.

10. Marqueur

Les chromosomes marqueurs sont des petits fragments chromosomiques non identifiables par les techniques de marquage en bandes. Ils sont habituellement surnuméraires au complément chromosomique normal.

Ils peuvent être avec ou sans retentissement phénotypique, posant des problèmes importants de conseil génétique en diagnostic prénatal. Ils peuvent dériver de n'importe quel chromosome, mais ont pour origine les régions centromériques des chromosomes acrocentriques le plus souvent en cytogénétique constitutionnelle. Ils sont fréquents et de taille variable dans les processus cancéreux. Les études par FISH ont montré qu'ils correspondaient souvent à des remaniements chromosomiques complexes dans les cellules tumorales.

11. Chromosomes double minute, HSR

Les chromosomes double minute correspondent à de très petits éléments chromosomiques supplémentaires, généralement très nombreux. Une région HSR (*homogeneously staining region*) correspond à une région de coloration homogène et de taille variable, souvent importante, présente au sein d'un ou plusieurs chromosomes. Expérimentalement, les HSR peuvent se rencontrer après une exposition chronique à certains toxiques. Les chromosomes double minute et les HSR sont associés à la présence d'une amplification génique importante. Ils sont observés au cours des processus cancéreux, en particulier dans les tumeurs solides.

V. Sites fragiles

Les sites fragiles correspondent à des lacunes ou des cassures des chromosomes, localisées de façon non aléatoire. Les sites fragiles peuvent être induits par l'action de diverses substances et conditions de culture. Certains sites fragiles, comme le site fragile localisé en Xq27 correspondant au syndrome de l'X fragile, peuvent être associés à des anomalies phénotypiques. Cependant, de nombreux sites fragiles non associés à des anomalies du phénotype sont considérés comme des variants chromosomiques.

VI. Polymorphisme du caryotype humain

Il existe des variations normales de la morphologie de certains chromosomes humains, qui sont qualifiées de polymorphismes pour traduire l'absence d'association à des anomalies phénotypiques. Un polymorphisme chromosomique est transmis comme un caractère mendélien codominant et peut être utilisé comme marqueur dans les études familiales. Les polymorphismes les plus fréquents chez l'homme concernent la taille des régions hétérochromatiques, en particulier des chromosomes 1, 9, 16 et Y.

VII. Incidence des anomalies chromosomiques

La fréquence des anomalies chromosomiques dans les avortements spontanés est d'au moins 50 %. L'anomalie la plus fréquemment observée dans les avortements spontanés est la monosomie X. Les autres anomalies des chromosomes sexuels fréquentes à la naissance sont rarement observées dans les avortements spontanés. Au contraire, la trisomie 16, la plus fréquente des trisomies dans les avortements spontanés, n'est jamais observée à la naissance.

L'incidence des anomalies chromosomiques fœtales est liée à l'âge maternel qui en augmente le risque. Les risques d'avoir un enfant trisomique 21 à la naissance sont de 0,07 %, 0,1 %, 0,3 %, 1 %, et 4,5 % pour une femme âgée respectivement de 25 ans, 30 ans, 35 ans, 40 ans et 45 ans.

L'incidence des anomalies chromosomiques chez les nouveau-nés est d'environ 0,7 % et chez les enfants décédés dans la période périnatale d'environ 7 %.

L'incidence des anomalies des chromosomes sexuels est de 1/400 hommes et de 1/650 femmes. Les anomalies les plus fréquentes sont 47,XXY ; 47,XYY ; 47,XXX ; 45,X.

Les anomalies chromosomiques autosomiques les plus fréquentes sont les trisomies des chromosomes 13, 18 et 21. La trisomie 21 est l'anomalie chromosomique la plus fréquente qui atteint 1/700 nouveau-nés.

Le risque de récurrence de trisomie 21 après la naissance d'un enfant atteint est d'environ 1 %. Il est de 1,4 % pour les mères âgées de moins de 30 ans et similaire au risque lié à l'âge maternel pour les mères plus âgées.

VIII. Indications du caryotype

En pathologie humaine, les indications du caryotype sont très nombreuses que ce soit pendant la période prénatale, à la naissance, durant l'enfance, à la puberté, chez les adultes en âge de procréer ou dans les processus cancéreux.

A. Caryotype en période prénatale

Les analyses de cytogénétique prénatale ne peuvent être pratiquées que dans les laboratoires agréés. Les agréments sont définis par l'Agence de la biomédecine.

Au stade embryonnaire, l'analyse chromosomique est effectuée à partir de blastomères biopsiés sur un embryon de six à huit cellules au troisième jour de culture *in vitro*. L'analyse chromosomique est réalisée en interphase en utilisant des sondes chromosomiques. Les indications du diagnostic préimplantatoire cytogénétique en France correspondent au diagnostic de sexe pour les maladies génétiques liées à l'X et l'analyse chromosomique des embryons chez les couples dont l'un des parents est porteur d'une translocation.

En période fœtale, le caryotype est effectué à partir de cellules fœtales recueillies par biopsie de villosités choriales ou choriocentèse (neuf à douze semaines d'amé-

norrrhée), par ponction de liquide amniotique ou amniocentèse (à partir de treize semaines d'aménorrhée) ou par prélèvement de sang fœtal ou cordocentèse (à partir de 18 semaines d'aménorrhée).

Plusieurs populations de femmes enceintes à risque d'avoir un fœtus atteint d'une anomalie chromosomique ont été définies. Ainsi, un caryotype fœtal est indiqué et pris en charge par la Sécurité sociale lorsqu'il existe :

- un remaniement chromosomique équilibré chez l'un des parents ;
- une anomalie chromosomique dans la fratrie ;
- une maladie génétique liée à l'X ;
- un antécédent de grossesse(s) avec anomalie chromosomique ;
- un signe d'appel échographique (malformations fœtales, retard de croissance intra-utérin, anomalies du volume de liquide amniotique) ;
- un risque de trisomie 21 lié aux marqueurs sériques (β HCG) supérieur à 1/250 ;
- un âge maternel supérieur ou égal à 38 ans.

B. Caryotype en période postnatale

Les anomalies chromosomiques sont responsables d'un grand nombre de maladies génétiques constitutionnelles et sont impliquées dans les causes de malformations, des retards mentaux et des échecs de reproduction. Un caryotype peut être indiqué à différents moments de la vie lors :

- du bilan d'un retard de croissance, d'un syndrome polymalformatif et/ou d'une dysmorphie chez un enfant ;
- d'une ambiguïté sexuelle ;
- d'une anomalie du développement pubertaire ;
- du bilan d'un retard mental, de troubles du comportement ou d'un retard des acquisitions ;
- d'une étude familiale d'un patient présentant un remaniement chromosomique pour déterminer son caractère hérité ou *de novo* ;
- d'un bilan d'hypofertilité, de fausses-couches à répétition.

Pour toutes ces indications, le caryotype est le plus souvent réalisé à partir de sang périphérique prélevé sur tube hépariné. Il peut également être réalisé à partir de fibroblastes prélevés par biopsie de peau.

- dans le bilan étiologique des morts fœtales *in utero*. Le caryotype est réalisé soit à partir d'un prélèvement de placenta, soit à partir de biopsie de tissu fœtal.

C. Recherche d'anomalie chromosomique acquise

Un caryotype peut être réalisé dans les processus cancéreux (cancers, leucémies) ou après exposition à des agents chimiques ou radiations ionisantes.

Depuis la découverte du chromosome Philadelphie en 1960, dû à une translocation acquise (9;22) qui caractérise la leucémie myéloïde chronique, des anomalies cytogénétiques non aléatoires ont été découvertes dans la plupart des hémopathies malignes. L'étude du caryotype des cellules malignes dans les leucémies après ponction de moelle osseuse présente un intérêt diagnostique et pronostique.

L'essentiel de la question

Le caryotype permet de mettre en évidence des anomalies chromosomiques de nombre ou de structure.

Le caryotype standard peut être réalisé à partir de n'importe quelle cellule nucléée en division. L'utilisation des techniques de cytogénétique moléculaire avec des sondes chromosomiques permet l'analyse des chromosomes dans les cellules quel que soit le stade du cycle cellulaire. Ces techniques permettent de mettre en évidence des remaniements chromosomiques non visibles en cytogénétique classique.

Le caryotype normal dans l'espèce humaine comporte 46 chromosomes, dont 22 paires d'autosomes et une paire de gonosomes (X,Y). La formule chromosomique s'écrit respectivement chez la femme et chez l'homme 46,XX et 46,XY.

Les anomalies chromosomiques peuvent être constitutionnelles ou acquises, homogènes ou en mosaïque.

La trisomie 21 et les anomalies de nombre des gonosomes sont les seules anomalies de nombre des chromosomes viables à long terme.

Les translocations sont les anomalies de structure des chromosomes les plus fréquentes.

Les indications du caryotype relèvent à la fois de la pédiatrie, de l'obstétrique, de l'endocrinologie, de la gynécologie, de l'assistance médicale à la procréation, de la fœtopathologie, de l'hématologie et de la cancérologie.

Les anomalies chromosomiques sont responsables de troubles de la fertilité, d'un nombre important d'avortements précoces, de morts fœtales et néonatales, de malformations congénitales, de retards mentaux, d'anomalies de la croissance et de la différenciation sexuelle, de leucémies et de cancers.

Pour en savoir plus

- Dutrillaux B., Couturier J. *La Pratique de l'analyse chromosomique*. Paris, Masson, 1981.
- Thompson M., Mc Innes R., Willard H. *Génétique médicale*. Paris, Flammarion, 1995.
- Feingold J., Fellous M., Solignac M. *Principes de génétique humaine*. Paris, Hermann, 1998.
- Lyonnet S., Munnich A. *Génétique pédiatrique*. Paris, Doin, 1998.
- Tachdjian G. Apport de la cytogénétique moléculaire pour le diagnostic des anomalies chromosomiques. *Presse médicale*, 1999 ; 28 : 40-3.

Maladies héréditaires monofactorielles : modes de transmission et mécanismes

B. PARFAIT, D. VIDAUD

Inserm U745, Génétique et biothérapie des maladies dégénératives et prolifératives du système nerveux, Faculté des sciences pharmaceutiques et biologiques, Université René-Descartes, Paris.

I. Modes de transmission des maladies héréditaires monofactorielles

- A.** Arbre généalogique
- B.** Hérité récessive autosomique
- C.** Hérité dominante autosomique
- D.** Hérité récessive liée au chromosome X
- E.** Hérité dominante liée au chromosome X
- F.** Hérité liée au chromosome Y (ou hérité holandrique)
- G.** Hérité mitochondriale

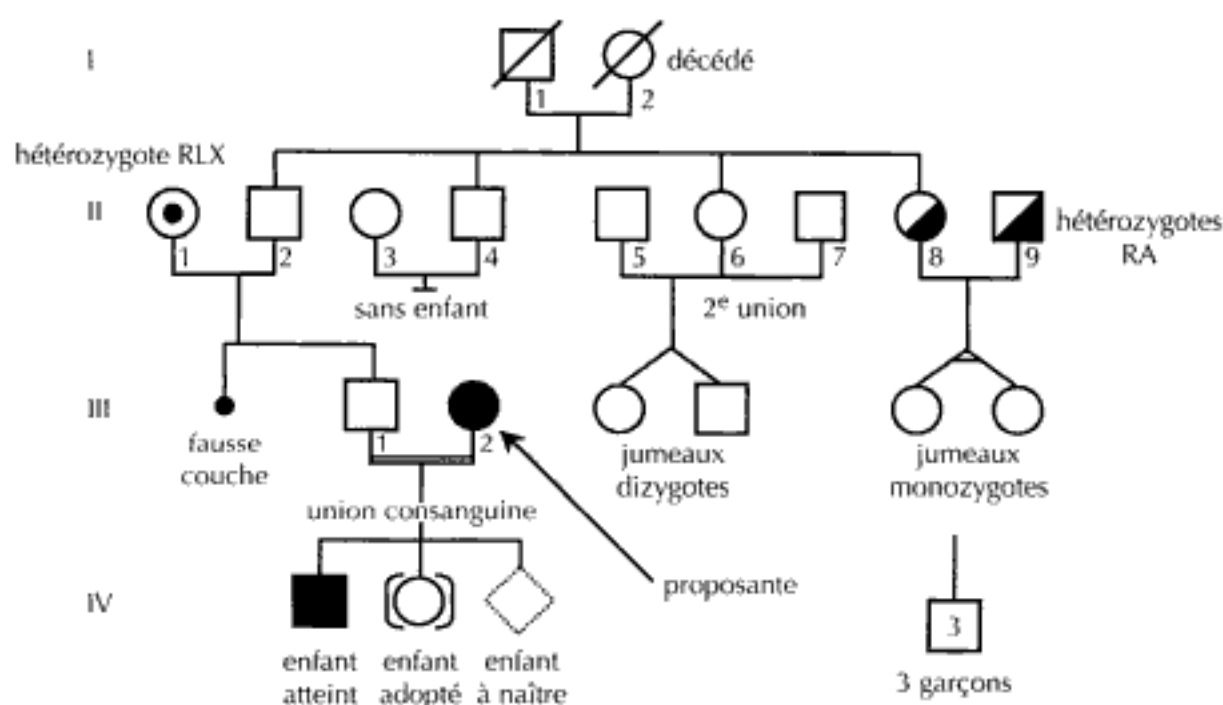
II. Mécanismes de transmission des maladies héréditaires monofactorielles

- A.** Différents types de mutations
- B.** Cibles des mutations et effets sur l'expression
- C.** Unicité ou diversité des mutations

I. Modes de transmission des maladies héréditaires monofactorielles

A. Arbre généalogique

Le mode de transmission d'une maladie se déduit de la répartition des sujets sains et atteints au sein d'une même famille. L'arbre généalogique résume cette information, qui doit être la plus précise possible. Les arbres généalogiques sont tracés en utilisant différents symboles reproduits en figure 1.



Les différentes générations sont numérotées en chiffres romains. Les différents individus d'une génération sont numérotés en chiffres arabes. Les symboles noirs ■ et ● indiquent respectivement les sujets masculins et féminins porteurs de la maladie. Une flèche (↗) désigne le proposant (*propositus*, cas index) ayant permis le recensement de la famille. Dans le cas des maladies récessives autosomiques (RA), les sujets hétérozygotes sont symbolisés ◑ ou ◐.

Figure 1. Symboles utilisés pour la constitution des arbres généalogiques

B. Hérité récessive autosomique

C'est un mode d'hérédité liée aux chromosomes non sexuels (autosomes). Seuls les sujets possédant les deux allèles mutés d'un même gène sont malades. Les sujets malades peuvent présenter deux mutations identiques sur les deux allèles du gène et sont homozygotes pour le gène morbide. Ils sont également très souvent porteurs de deux mutations différentes du même gène et sont qualifiés d'hétérozygotes composites.

1. Mode de transmission

La transmission de la maladie présente un aspect horizontal (fig. 2). Le sujet malade est homozygote ou hétérozygote composite pour le gène morbide. Ses parents sont tous deux hétérozygotes pour le gène morbide et ont un phénotype normal. Il n'existe pas de prépondérance d'un sexe chez les sujets atteints. Lors de l'union de deux hétérozygotes pour le gène morbide, un sujet sur quatre est malade, un sujet sur deux est hétérozygote et présente un phénotype normal, un sujet sur quatre ne présente aucune mutation (répartition 1/4, 1/2, 1/4). La descendance d'un sujet malade présentera un phénotype normal, sauf en cas d'union avec un sujet homozygote malade (100 % de la descendance malade) ou avec un sujet hétérozygote (50 % de la descendance malade).

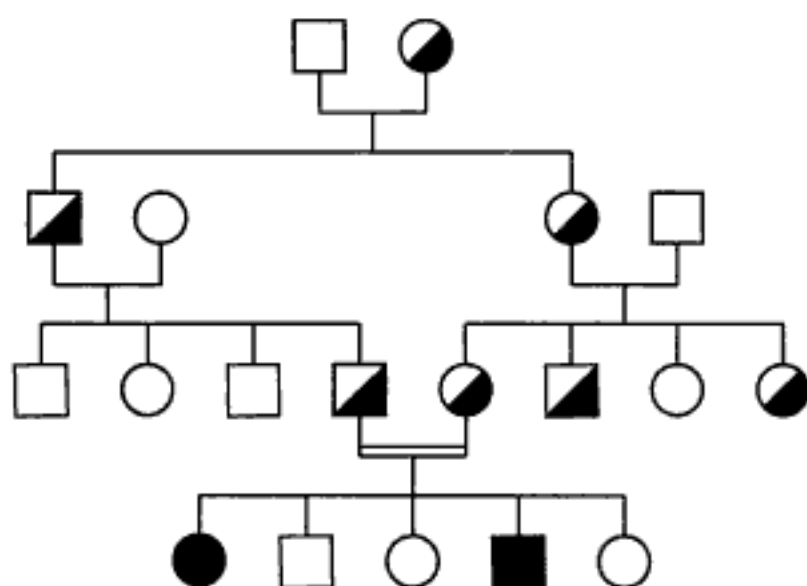


Figure 2. Exemple de transmission récessive autosomique

2. Fréquence des génotypes, loi de Hardy Weinberg

La loi de Hardy Weinberg donne la fréquence des génotypes homozygotes ou hétérozygotes en fonction de la fréquence des allèles sain (A) ou muté (a) d'un gène. Cette loi n'est applicable que si les mariages ont lieu au hasard (panmixie).

p = fréquence de l'allèle A

q = fréquence de l'allèle morbide a

$f(AA) = p^2$ = fréquence des homozygotes pour A

$f(aa) = q^2$ = fréquence des homozygotes pour a

$f(Aa) = 2pq$ = fréquence des hétérozygotes Aa

$p + q = 1$

Si la fréquence de la maladie dans la population est connue, il est possible d'en déduire la fréquence de l'allèle morbide q .

Exemple : la mucoviscidose touche 1 naissance sur 2 500.

$q^2 = 1/2\,500 \rightarrow q = \text{fréquence de l'allèle morbide} = \sqrt{1/2\,500}$.

$q = 1/50$

La fréquence des hétérozygotes dans cette population est donc $2pq = 2q = 1/25$

car $p = 1 - q \approx 1$ (car q est faible)

Un individu sur 25 est donc porteur du gène morbide à l'état hétérozygote.

Deux phénomènes tendent à modifier la fréquence des génotypes : la sélection (maladie incompatible avec la reproduction) et les mariages non panmictiques (consanguinité et homogamie, c'est-à-dire le croisement entre sujets de même phénotype).

Deux sujets apparentés, c'est-à-dire ayant au moins un ancêtre commun vérifiable, sont consanguins. La consanguinité augmente la probabilité que deux conjoints soient hétérozygotes pour un même gène récessif et, par conséquent, la fréquence des homozygotes pour ce gène dans leur descendance. La consanguinité parentale pour une affection autosomique récessive est d'autant plus fréquemment retrouvée que la maladie est plus rare.

3. Quelques exemples de maladies récessives autosomiques

Il faut citer l'hémochromatose héréditaire touchant les populations du nord de l'Europe (fréquence de la maladie : 1/300), la mucoviscidose – particulièrement fréquente dans notre pays (1/2 500) –, le déficit en $\alpha 1$ antitrypsine (1/3 500), la drépanocytose, les thalassémies, l'amyotrophie spinale infantile (1/10 000), la phénylcétonurie (1/10 000), la maladie de Wilson (1/40 000)... La grande majorité des maladies métaboliques est également de transmission récessive autosomique.

C. Hérité dominante autosomique

C'est un mode d'hérédité liée aux autosomes. En génétique humaine, un caractère pathologique est dominant lorsqu'il apparaît chez les sujets hétérozygotes. Si A est l'allèle normal et a l'allèle délétère, un sujet de génotype Aa est malade et le sujet AA est sain. L'état homozygote aa est le plus souvent inconnu à cause de la rareté des mariages donnant naissance à de tels sujets ou à cause de la gravité extrême, voire létalité *in utero* de l'état homozygote. Dans quelques cas, les sujets AA et Aa ont le même phénotype, ce qui définit au sens strict le caractère dominant d'une maladie.

1. Mode de transmission

La transmission est verticale sans saut de génération (fig. 3). Le sujet atteint est, dans la plupart des cas, hétérozygote pour le gène pathologique considéré. Tout sujet atteint possède un parent atteint. Le plus souvent, le sujet atteint est issu d'une union entre un sujet normal AA et un sujet hétérozygote atteint Aa. L'union entre deux hétérozygotes atteints est très rare.

Il n'existe pas de prépondérance d'un sexe chez les sujets atteints puisque la transmission de la maladie est indépendante du sexe. Le sujet atteint Aa transmet la maladie à un enfant sur deux pour les enfants issus de l'union la plus fréquemment rencontrée (répartition 1/2, 1/2).

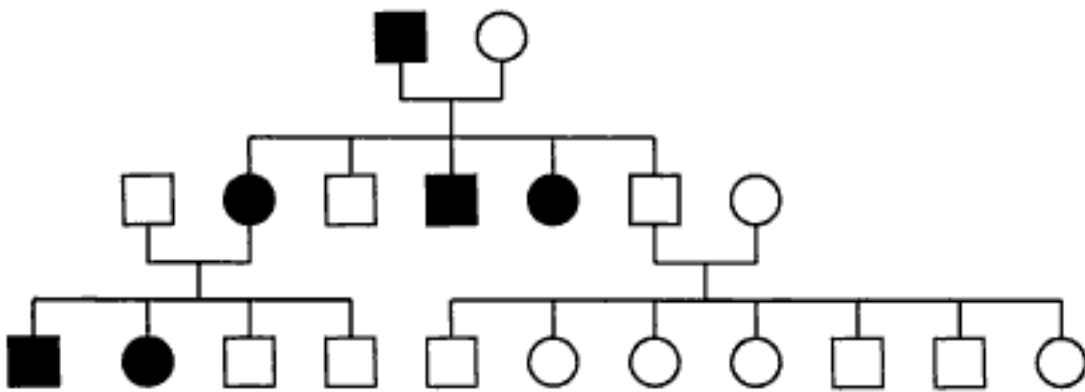


Figure 3. Transmission dominante autosomique

Les critères de reconnaissance d'une maladie dominante autosomique se déduisent sans difficulté de l'arbre généalogique présenté en figure 3. Cependant, ces règles de transmission peuvent être prises en défaut dans certaines circonstances.

2. Pénétrance et expressivité

La pénétrance d'un gène est le pourcentage de sujets qui, porteurs du gène, en présentent les manifestations phénotypiques. La pénétrance est définie par le rapport :

$$\frac{\text{Nombre d'hétérozygotes Aa malades}}{\text{Nombre total d'hétérozygotes Aa}} \times 100$$

Si tous les sujets porteurs d'une mutation délétère du gène morbide sont atteints, la pénétrance du gène est de 100 %. Dans certains cas, la pénétrance peut être incomplète, comme dans la polypose recto-colique (pénétrance = 80 %).

L'expressivité d'un gène est la manière dont celui-ci se manifeste dans le phénotype lorsqu'il s'exprime. Cette expressivité dépend de facteurs propres à l'individu (« fond génétique ») et de l'influence du milieu environnemental. Les principaux facteurs qui modulent l'expressivité sont l'âge, le sexe, le sexe du parent transmetteur, les interactions géniques (gènes modificateurs).

Pénétrance incomplète et expressivité variables expliquent que, dans certaines situations d'hérédité dominante autosomique, un sujet sain puisse engendrer des enfants malades ou que des sujets d'une même famille soient touchés d'une manière plus ou moins sévère.

On peut rapprocher le phénomène de pénétrance incomplète ou d'expressivité variable de celui de l'anticipation. Il y a anticipation si l'âge d'apparition d'une maladie dominante est de plus en plus précoce au cours des générations successives, ce qui s'accompagne habituellement d'une accentuation de la gravité de la maladie, comme dans le cas de la dystrophie myotonique de Steinert. Il s'agit de la maladie musculaire la plus fréquente de l'adulte puisqu'elle touche 1/7 000 sujet. C'est une affection caractérisée par une expressivité variable quant à l'âge de survenue des premiers signes cliniques, la rapidité d'évolution et le type de système impliqué. Allant d'une simple cataracte ou d'une calvitie à des anomalies musculaires (myotonie, amyotrophie) progressivement détériorantes, associées à une atteinte cardiaque, des troubles du comportement et des troubles endocriniens

avec atteinte gonadique et stérilité, cette maladie peut survenir très précocement chez le nouveau-né. Cette forme dite « néonatale » est caractérisée par une hypotonie sévère généralisée avec détresse respiratoire, des malformations articulaires. Cette maladie fait partie de l'ensemble des maladies dues à une expansion de triplets (voir « *Expansion des triplets* »).

3. Néomutations

Il peut arriver qu'un sujet atteint d'une maladie dominante autosomique naisse de parents indemnes. Il s'agit alors d'une néomutation dans une cellule germinale d'un des deux parents. Le cas le plus fréquent est rencontré dans l'achondroplasie. Il s'agit d'un nanisme dysharmonieux avec intelligence et fonctions gonadiques tout à fait normales. La mutation responsable de 99 % des achondroplasies a été identifiée dans le gène *FGFR3* sur le chromosome 4pter. Il s'agit d'une mutation ponctuelle entraînant le changement glycine-arginine en position 380 de la protéine. La fréquence de cette maladie est estimée à 1/15 000, la pénétrance est complète. Dans neuf cas sur dix, il s'agit d'une néomutation. Dans la descendance du sujet porteur du gène muté, on retrouve les critères de reconnaissance d'une maladie autosomique dominante.

4. Quelques exemples de maladies dominantes autosomiques

Il faut citer l'hypercholestérolémie familiale (1/500), la neurofibromatose de type I (1/5 000), la dystrophie myotonique de Steinert (1/7 000), la maladie de Huntington (1/10 000), l'ostéogénèse imparfaite (1/10 000)...

D. Hérité récessive liée au chromosome X

L'hérité liée au chromosome X est déterminée par un gène porté par le chromosome X. Elle est dite récessive lorsque le gène morbide ne s'exprime pas à l'état hétérozygote chez la femme. Le caractère récessif lié à l'X s'exprime toujours chez l'homme hémizyote mais ne s'exprime en théorie qu'à l'état homozygote chez la femme, ce qui correspond à une situation rare. Dans quelques cas, les femmes conductrices peuvent exprimer des signes cliniques et biologiques de la maladie récessive liée à l'X. Ceci tient vraisemblablement au fait que l'inactivation clonale au hasard de l'un des deux chromosomes X chez la femme (théorie de Mary Lyon, 1949) s'exercerait principalement vis-à-vis de l'X sain chez ces femmes.

1. Règles de transmission

Les maladies récessives liées aux chromosomes X touchent les hommes et sont transmises par les femmes conductrices (hétérozygotes) apparemment saines (fig. 4). Les gènes impliqués dans les maladies RLX sont localisés sur le chromosome X. Les sujets atteints sont le plus souvent des garçons (hémizyotes). Les femmes hétérozygotes sont habituellement asymptomatiques. Cependant, certaines peuvent exprimer la maladie avec une sévérité variable (inactivation du chromosome X). Toutes les filles d'un homme atteint sont vectrices de la maladie alors

que tous les garçons sont sains (la transmission père-fils n'existe pas). Le fils d'une femme hétérozygote présente un risque de 50 % d'hériter de la maladie.

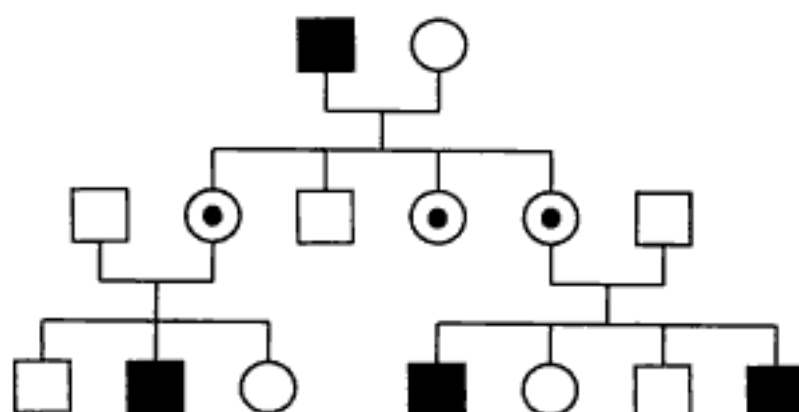


Figure 4. Arbre généalogique d'une maladie récessive liée au sexe : maladie de Hunter, due à un déficit en α L-induronate sulfatase. Les femmes conductrices sont représentées par le symbole \odot

2. Néomutations

Il existe un taux élevé de néomutations pour certains gènes portés par le chromosome X (myopathie de Duchenne, hémophilie A), rendant ainsi la maladie accidentelle. Cependant, il faut considérer la maladie comme héréditaire pour la descendance du sujet atteint.

L'analyse de l'arbre généalogique permet de distinguer les vectrices obligatoires et les vectrices potentielles.

Vectrice obligatoire :

- fille d'un père malade ;
- mère d'un seul garçon malade avec antécédents familiaux.

Vectrice potentielle :

- mère d'un garçon malade sans antécédents familiaux ;
- femme ayant des antécédents familiaux mais n'ayant pas encore donné naissance à un garçon malade.

3. Quelques exemples de maladies récessives liées à l'X

Il faut citer la myopathie de Duchenne de Boulogne (1/3 500 garçons), les différentes formes d'hémophilies (hémophilie A [1/5 000 garçons], hémophilie B), le déficit en G6PDH, l'adrénoleucodystrophie (1/20 000 garçons)...

E. Hérité dominante liée au chromosome X

Il s'agit d'un mode de transmission plus rare que ceux précédemment décrits. L'hérédité liée à l'X est dite « dominante » lorsque le gène morbide s'exprime à l'état hétérozygote comme à l'état homozygote chez la femme, ou hémizyote chez l'homme.

La transmission se fait de manière verticale. Si la transmission de la maladie est effectuée par le père, toutes les filles seront atteintes et tous les garçons seront

sains : il n'y a jamais de transmission père-fils (caractère distinctif vis-à-vis de la transmission dominante autosomique). Si le transmetteur est la mère, un enfant sur deux sera atteint, quel que soit le sexe.

Les affections dominantes liées à l'X s'expriment habituellement de façon plus sévère chez le garçon que chez la fille. Certaines sont létales chez le garçon *in utero*, comme dans l'*incontinentia pigmenti*, et ne paraissent donc exister que chez la fille (fig. 5).

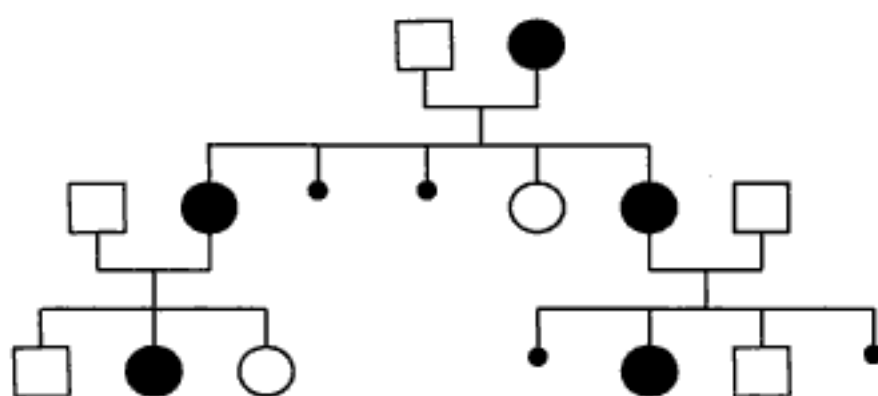


Figure 5. Arbre généalogique d'une maladie dominante liée à l'X : l'*incontinentia pigmenti*. La maladie est létales chez le fœtus mâle mais compatible avec la vie et la reproduction chez les sujets de sexe féminin

Comme dans les maladies dominantes autosomiques, la pénétrance peut être incomplète et l'expressivité variable. C'est le cas du syndrome de l'X fragile (1/1 500 naissances de garçons, 1/2 500 naissances de filles) dont la pénétrance est de 80 % chez le garçon et 30 % seulement chez la fille.

F. Hérité liée au chromosome Y (ou hérité holandrique)

Un caractère lié au chromosome Y se transmet d'un sujet de sexe masculin à tous ses fils, ces derniers ayant reçu le même chromosome Y de leur père. Mais on ne connaît pas de caractères pathologiques à transmission holandrique. En effet, le chromosome Y possède des gènes dont le produit de l'expression est impliqué dans la différenciation sexuelle et toute mutation délétère à leur niveau entraîne une stérilité masculine (les mutations du gène SRY sont les mieux connues).

G. Hérité mitochondriale

La majorité des polypeptides de la chaîne respiratoire est codée par le génome nucléaire, synthétisée dans le cytoplasme et importée dans la mitochondrie. En revanche, treize d'entre eux sont codés par le génome mitochondrial. Cet ADN mitochondrial (ADNmt) est localisé dans la matrice mitochondriale et comporte également 22 ARNt et 2 ARNr, éléments nécessaires pour sa propre traduction.

1. Règles de transmission

Chez l'homme, l'ADNmt est transmis selon le mode maternel. Seules les mitochondries de l'ovocyte sont transmises, celles du spermatozoïde ne pénètrent pas dans

l'œuf ou sont dégradées durant la fécondation. Ainsi, les mères transmettent leur ADNmt à tous leurs enfants. Les filles à leur tour transmettent leur ADNmt à la génération suivante. En revanche, les hommes ne transmettent jamais leur ADNmt (fig. 6).

Chaque cellule humaine possède de nombreuses mitochondries et chaque mitochondrie, plusieurs copies d'ADNmt. Une même cellule, ou une même mitochondrie, peut contenir à la fois des molécules normales et des molécules mutées : on parle d'hétéroplasmie. Au cours des divisions cellulaires, les molécules normales et mutées sont distribuées au hasard dans les cellules filles (ségrégation mitotique). La proportion des deux espèces moléculaires peut donc être très variable d'une cellule à l'autre. Aussi, l'étude génétique des maladies mitochondriales est souvent déroutante car les enfants d'une même famille ne sont pas forcément tous atteints. En effet, bien que porteuse de la mutation de l'ADNmt, la proportion de molécules mutées peut varier d'un individu à l'autre, d'un tissu à l'autre, d'une cellule à l'autre, et donner lieu à des phénotypes très différents.

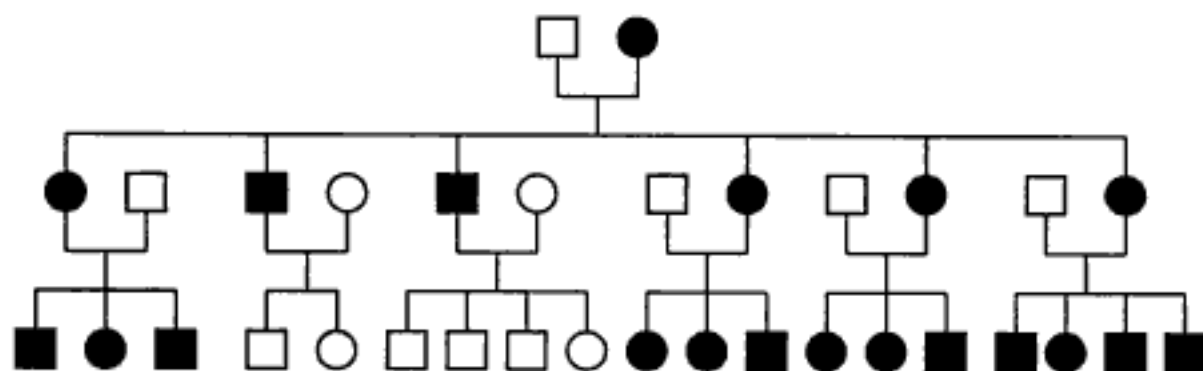


Figure 6. Exemple d'hérédité maternelle rencontrée dans certaines maladies mitochondriales. Les mères transmettent leur ADNmt muté à tous leurs enfants

2. Quelques exemples de maladies à hérédité maternelle

Des délétions, des mutations ponctuelles de l'ADNmt ont été retrouvées dans de nombreux syndromes ou associations : délétions dans le syndrome de Kearns et Sayre, de Pearson, dans des associations diabète-surdité, mutations ponctuelles dans l'atrophie optique de Leber, les syndromes NARP (*neurogenic ataxia, retinitis pigmentosa*), MERRF (*myoclonic epilepsy, ragged-red fibers*), MELAS (*mitochondrial encephalopathy, lactic acidosis, stroke-like episodes*)...

II. Mécanismes de transmission des maladies héréditaires monofactorielles

Le terme de mutation désigne tout changement du matériel héréditaire survenant soit dans la lignée germinale (mutations germinales) soit dans les cellules somatiques (mutations somatiques). Seules les mutations germinales peuvent être transmises à la descendance et sont à l'origine des maladies héréditaires. Les mutations

sont dans la majorité des cas spontanées, mais elles peuvent également être induites par exposition à des agents mutagènes.

Il est possible de distinguer trois grandes classes de mutations :

- les mutations nucléotidiques par remplacement d'une base ;
- les insertions-délétions de quelques nucléotides incluant les expansions de répétitions trinuéclotidiques ;
- les remaniements géniques qui regroupent les grandes délétions et insertions, duplications, inversions, conversions géniques.

A. Différents types de mutations

1. Remplacement d'une base : substitution nucléotidique

On distingue les transitions (remplacement d'une base pyrimidique [C ou T] ou purique [A ou G] par une autre base de même type) des transversions (remplacement d'une base purique par une base pyrimidique ou inversement). Les transitions sont en moyenne deux fois plus fréquentes que les transversions, alors que l'inverse serait attendu si le changement de bases s'effectuait au hasard. En effet, chaque base peut théoriquement subir deux transversions et seulement une transition. L'excès de transition est probablement dû à la combinaison de propriétés des ADN polymérases (incorporations erronées plus fréquentes d'une base de même nature lors de la réplication) et de celle des systèmes de correction (une incorporation erronée de type transversion entraîne une anomalie de la double hélice beaucoup plus importante et plus efficacement reconnue par les systèmes de correction qu'une transition).

Parmi les transitions, celles concernant le dinucléotide CpG vers TpG ou CpA sont largement surreprésentées dans presque toutes les maladies génétiques. Elles rendent compte, en moyenne, d'un tiers des substitutions de bases. Le dinucléotide CpG est donc un véritable point chaud de mutation.

Pour l'hémophilie B, on a estimé que la probabilité de mutation par transition est environ 25 fois plus élevée pour un CpG que pour tout autre dinucléotide. Les dinucléotides CpG sont la cible fréquente d'une modification enzymatique physiologique de l'ADN, la méthylation. Celle-ci n'affecte en effet que la position 5' d'une cytosine au sein du dinucléotide CpG. Par ailleurs, au sein de l'ADN, la cytosine est susceptible d'être désaminée en uracile par une désaminase : la présence d'un uracile, constituant anormal de l'ADN, est détectée efficacement par un mécanisme d'excision (uracile DNA glycosylase). Si la désamination concerne la cytosine méthylée, cette dernière est transformée en thymine, erreur qui sera moins efficacement détectée (fig. 7). En raison du caractère palindromique du dinucléotide CpG et de sa méthylation, il en résulte une mutation vers TpG ou CpA. Certains CpG sont plus susceptibles de muter que d'autres. Ainsi, la mutation récurrente C GGA/G → C AGA/G (p.Gly380Arg dans le récepteur FGFR3), responsable de l'achondroplasie (voir « Quelques exemples de maladies récessives autosomiques »), survient à une fréquence de cinquante à cinq cents fois plus grande que la moyenne des autres CpG dans le génome.

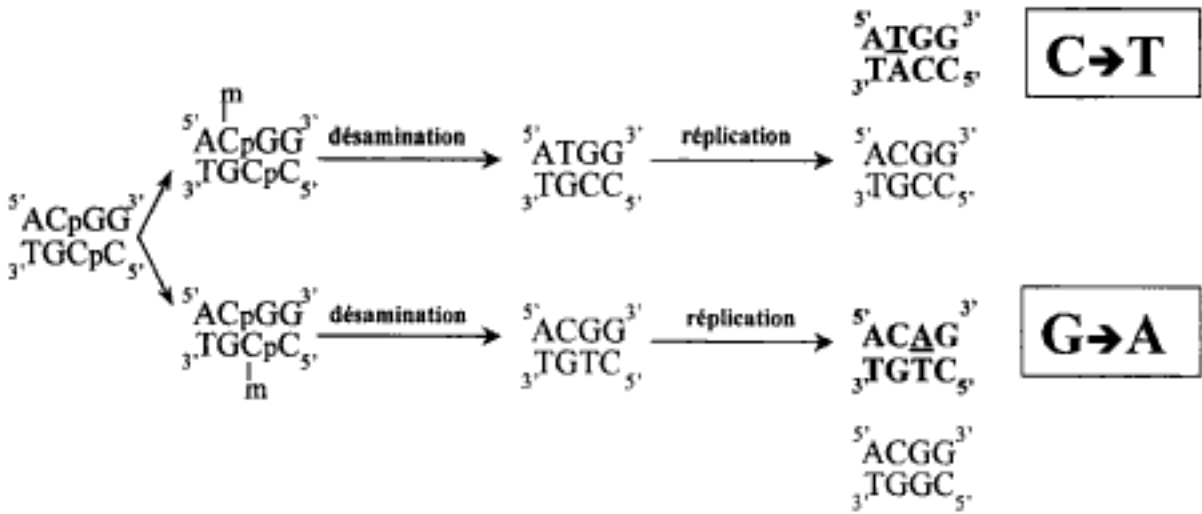


Figure 7. Mécanisme d'apparition des mutations au sein du dimère CpG

2. Petites délétions ou insertions

Les délétions ou insertions d'un ou quelques nucléotides sont également des mutations fréquentes. Elles entraînent, en général, un décalage du cadre de lecture (*frameshift*) qui aboutit à l'apparition d'un codon STOP prématuré et à la présence d'une protéine tronquée (la plupart du temps non-fonctionnelle), sauf dans les cas de délétions ou insertions d'un ou plusieurs codons.

Elles surviennent souvent au niveau de courtes répétitions en tandem, très probablement par un mécanisme de dérapage (*slippage*) de l'ADN polymérase lors de la réplication de l'ADN.

3. Grandes délétions, duplications ou inversions

Les délétions de tout ou partie d'un gène sont la cause minoritaire de nombreuses maladies, mais sont particulièrement nombreuses pour certaines maladies comme la myopathie de Duchenne (60 % des cas), l'amyotrophie spinale (90 % des cas). Le mécanisme peut être soit une recombinaison homologue entre deux séquences quasiment identiques encadrant la région cible du réarrangement et survenue lors d'un *crossing-over* méiotique inégal, soit par échange entre chromatides sœurs. Lorsque la délétion survient entre des séquences ne présentant pas d'homologie, on parle de recombinaison non homologue ou illégitime.

a) Recombinaison homologue

Une recombinaison homologue peut entraîner soit une délétion soit une duplication en miroir. Ces recombinaisons expliquent l'existence de chromosomes comportant un seul ou trois gènes *HBA* codant l' α -globine, dérivant de chromosomes normaux comportant deux gènes *HBA* en tandem (fig. 8). Il existe deux régions de forte homologie, dénommées x et z, susceptibles de provoquer des délétions-duplications par *crossing-over* inégal.

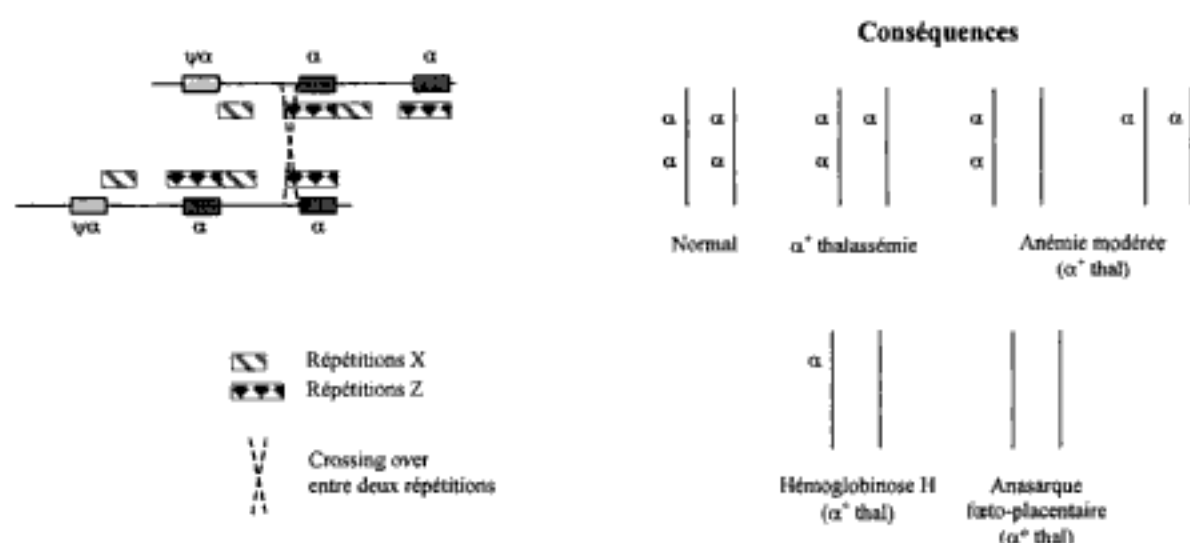


Figure 8. Appariement des séquences homologues x et z des gènes *HBA* codant la sous-unité α de la globine à l'origine des délétions-duplications observées dans les α -thalassémies (d'après Strachan et Read, 2003)

La présence de séquences répétées d'une trentaine de kb encadrant une région de 1.5 Mb sur le chromosome 17 est responsable d'événements de délétions ou de duplications de cette région qui contient le gène *PMP22* (codant une protéine de la myéline), à l'origine de neuropathies (maladie de Charcot-Marie-Tooth de type 1A, CMT1A pour la duplication et neuropathie tomaculaire, HNPP pour la délétion).

La présence de trois copies d'une séquence génique, une copie dans un intron du gène *F8* codant le facteur VIII de coagulation, les deux autres d'orientation opposée à l'extérieur du gène, est responsable d'une inversion du segment chromosomique entre deux copies de sens opposé. Cette mutation récurrente rend compte de près de la moitié des hémophilies A sévères (fig. 9).

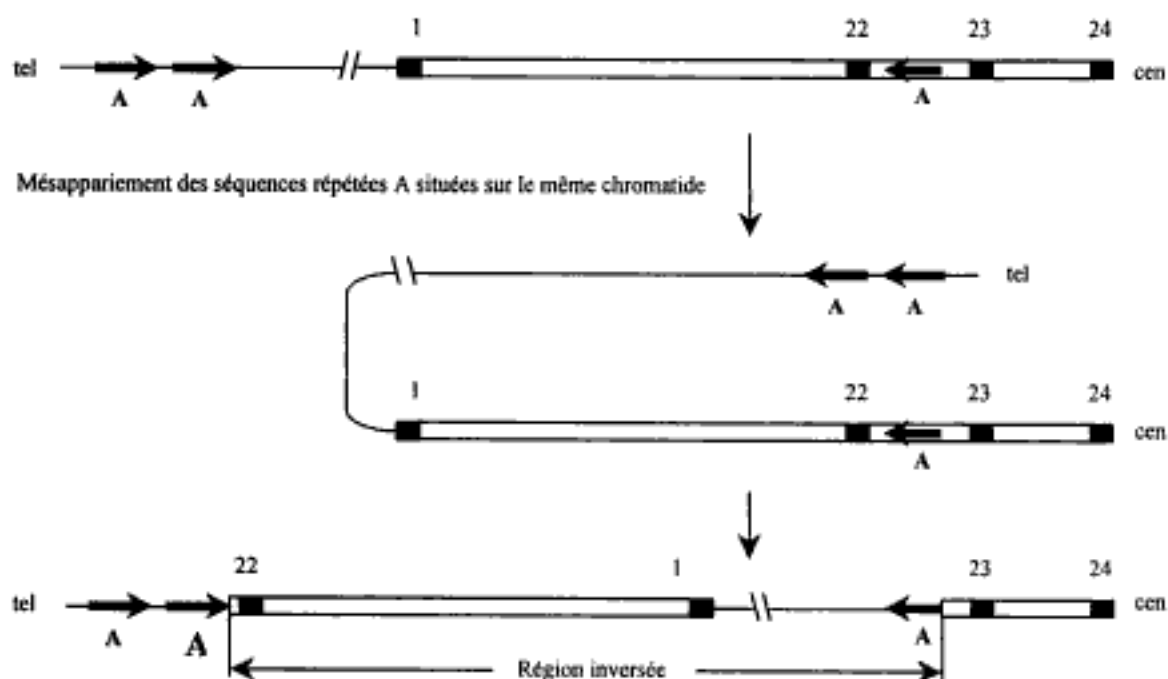
Dans certains cas, on observe un très fort biais parental pour l'origine de nouvelles mutations. Notamment, l'inversion récurrente dans l'hémophilie A et la duplication autour de *PMP22* dans la maladie de Charcot-Marie-Tooth surviennent presque exclusivement dans les cellules germinales mâles.

b) Recombinaison illégitime

La recombinaison illégitime entre séquences non homologues paraît impliquée dans les délétions ou duplications particulièrement fréquentes du gène de la myopathie de Duchenne sans que l'on puisse actuellement expliquer l'instabilité particulière de certaines régions de ce gène.

4. Expansion des triplets

Depuis 1991, il a été montré qu'un type inattendu de mutations instables par expansions de triplets était responsable d'un certain nombre de maladies dont la liste n'est pas close. La plupart d'entre elles sont des maladies neurodégénératives (ex. : le retard mental avec X fragile, la dystrophie myotonique de Steinert, la chorée de Huntington).



L'appariement intrachromosomique des séquences homologues A situées à la fois dans l'intron 22 du gène *F8* et environ 400 kb en direction télomérique aboutit à une inversion de l'ensemble des 22 premiers exons du gène *F8*.

tel, vers le télomère ; cen, vers le centromère.

Figure 9. Inversion du gène codant le facteur VIII de la coagulation

Leur mode de transmission présente pour la plupart d'entre elles des caractéristiques très inhabituelles avec un biais de transmission parentale des formes les plus sévères avec une augmentation au cours des générations successives du risque de développer la maladie ou de la sévérité et de la précocité des manifestations cliniques (phénomène connu sous le nom d'anticipation). Les expansions de triplets peuvent survenir à différents niveaux :

- région 5' non codante du gène (CGG et X fragile) ;
- région 3' non codante (CTG et Steinert) ;
- dans un exon avec apparition de polyglutamines associées à des manifestations cliniques neurologiques (CAG dans la maladie de Huntington, le syndrome de Kennedy, les ataxies spinocérébelleuses) ;
- dans un intron (GAA et ataxie de Friedreich).

Bien que cela ne soit pas prouvé, il est généralement admis qu'au-delà d'un certain seuil de longueur (environ cinquante répétitions), les répétitions formeraient des structures anormales de type épingles à cheveux ou triple hélice, perturbant la réplication et favorisant les dérapages ou glissements réplicatifs.

5. Mécanismes rares (insertions, conversions géniques, anomalies chromosomiques)

a) Insertion de séquences répétées dispersées

Le génome humain contient un grand nombre de séquences répétées dispersées, notamment les séquences courtes (300 pb) de type *Alu* (ou *SINE*), dont il existe environ 600 000 copies dans le génome, et des séquences de 3 à 7 kb (famille *Kpn*,

ou *LINE*) dérivée de rétrotransposons. L'insertion de ces séquences se produit après la rétrotranscription d'ARN issu de très rares copies actives de ces éléments, mécanisme qui paraît relativement peu actif dans le génome humain actuel. En effet, parmi les milliers de mutations indépendantes caractérisées pour des maladies comme les hémophilies A et B, la mucoviscidose ou la myopathie de Duchenne, très rares sont les événements de mutation dus à de telles insertions. Lorsque ces dernières sont exoniques, elles interrompent la séquence codant une protéine. Des cas d'insertions introniques affectant l'épissage ont également été décrits. La caractérisation de néomutation due à l'insertion de séquence *LINE* dans le gène *F8* codant le facteur VIII de coagulation (hémophilie A) a permis d'identifier une copie active de cet élément, qui code une transcriptase inverse impliquée dans la transposition.

b) Conversion génique

Lorsque des séquences très homologues sont à proximité l'une de l'autre dans le génome, un mécanisme de transfert localisé non réciproque (à la différence du *crossing-over* inégal) – identifié initialement chez la levure et appelé conversion génique – peut entraîner dans le gène « receveur » une série de changements nucléotidiques répartis sur une région assez courte. Dans certains cas, la séquence donneuse est un pseudogène, inactivé par l'accumulation de mutation, et le transfert d'une de ces mutations inactive le gène receveur.

c) Réarrangements chromosomiques

Enfin, des réarrangements chromosomiques comme des translocations équilibrées, s'ils ont un point de cassure à l'intérieur d'un gène, inactivent ce dernier et pourront être responsables soit d'une maladie monogénique autosomique dominante (une seule copie étant inactivée), soit à l'expression chez une fille d'une maladie récessive liée à l'*X* (dans le cas de translocation *X*-autosomes). Ces mécanismes sont très rares mais importants à identifier car ils permettent de localiser très précisément, puis de cloner, le gène de la maladie en question (stratégie employée pour de nombreux gènes, de maladies liées à l'*X*, pour la neurofibromatose de type 1, etc.).

Les délétions de toute une région chromosomique peuvent enfin être associées à des phénotypes dits de gènes contigus, syndromes complexes (par exemple, le syndrome de Di George/vélocardiofacial = *CATCH22* avec délétion en 22q11.2) ou entraîner une association de phénotypes monogéniques identifiables.

6. Mutations *de novo*, mosaïques germinales et mosaïques somatiques

Un petit nombre de mutations, dites « *de novo* » ou « néomutations », surviennent dans la lignée germinale, au cours des divisions mitotiques durant la spermatogenèse ou l'ovogenèse, ou pendant la méiose elle-même. Pour certaines maladies, la fréquence d'apparition de mutations *de novo* peut être très importante (33 % des cas pour la myopathie de Duchenne, l'hémophilie A, 50 % des cas pour la neurofibromatose de type 1, 90 % des cas pour l'achondroplasie).

Une maladie due à une mutation *de novo* ne récidive habituellement pas dans la fratrie. Cependant, il a été décrit le cas de parents de phénotype normal ayant plus

d'un enfant atteint (neurofibromatose de type I, ostéogenèse imparfaite). Pour expliquer ces observations, il faut supposer que l'un des parents est porteur d'une mosaïque germinale et qu'il existe en fait un clone de cellules germinales porteur de la mutation.

Les mosaïques somatiques sont dues à des mutations survenues après fécondation, à un stade plus ou moins tardif de l'embryogenèse. Leurs conséquences cliniques dépendent de la nature de la mutation, du gène altéré et du tissu concerné. Elles constituent très probablement l'une des causes de l'hétérogénéité d'expression clinique des maladies héréditaires.

Si la mosaïque somatique touche les cellules germinales d'un sujet, la maladie peut alors être transmise à sa descendance.

B. Cibles des mutations et effets sur l'expression

1. Perte de fonction

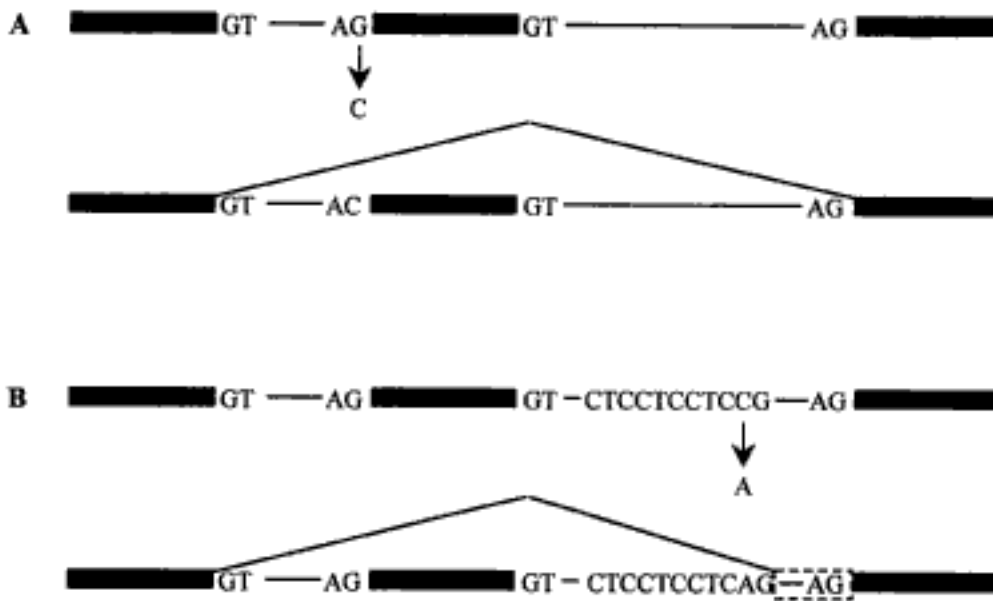
Les mutations peuvent entraîner une perte totale ou partielle d'expression de la protéine (par exemple, β^0 ou β^+ thalassémies) ou la synthèse d'une protéine partiellement ou totalement inactive : on parle alors de perte de fonction. Ce type de mutation est retrouvé dans les maladies récessives qui nécessitent pour se manifester une atteinte des deux allèles. Elles sont également retrouvées dans les maladies dominantes dites par haplo-insuffisance, comme l'hypercholestérolémie familiale dont la forme hétérozygote est beaucoup moins sévère que la forme homozygote, la perte de 50 % de l'activité du gène étant suffisante pour entraîner un phénotype clinique. Lorsqu'une maladie est liée à la perte totale ou partielle de fonction, on retrouve en général un grand nombre de mutations différentes (hétérogénéité allélique) pouvant affecter les différentes étapes de l'expression d'un gène.

a) Transcription (mutations au niveau du promoteur ou des séquences régulatrices)

Les premières mutations de ce type ont été caractérisées dans le promoteur du gène *HBB* codant la β -globine. Des mutations des gènes codant les facteurs de transcription eux-mêmes peuvent également être impliquées. La plupart de ces mutations sont létales ou associées à des anomalies du développement.

b) Maturation du pré-messager en ARNm

Il s'agit de mutations affectant les sites d'épissage ou activant des sites cryptiques à l'intérieur d'un intron ou d'un exon ou encore, mais plus rarement, touchant le site de polyadénylation et responsables d'une diminution de la stabilité de l'ARNm (fig. 10).

Épissage normal**Anomalies d'épissage**

A : mutations d'un site accepteur d'épissage (AG → AC). L'exon situé immédiatement en aval du site muté est généralement éliminé lors de la maturation de l'ARN pré-messager (*exon skipping*).
 B : mutation ponctuelle entraînant l'activation d'un site cryptique accepteur d'épissage.

Figure 10. Mutations affectant la maturation des ARN pré-messagers.

c) Traduction

Les mutations non-sens (substitutions aboutissant à la formation de l'un des trois codons STOP, UAA, UAG, UGA), mutations *frameshift* et mutations du codon d'initiation de la traduction entraînent généralement l'absence de formation d'une quelconque protéine ou la formation d'une protéine tronquée dont l'activité fonctionnelle est nulle ou très réduite. Les mutations faux-sens sont responsables d'un changement d'acide aminé. Elles peuvent affecter la stabilité, l'adressage intracellulaire, la maturation de la protéine, son assemblage dans une structure multimérique, les sites importants pour l'activité enzymatique, les interactions fonctionnelles avec des ligands et d'autres protéines. Lorsqu'un changement faux-sens est survenu, il peut être difficile de distinguer une mutation pathologique d'une simple variation nucléotidique, sans effet fonctionnel, mais qui serait rare dans la population étudiée. La fréquence des événements mutationnels entraînant une perte de fonction dépend en partie de la taille de la cible (taille de la séquence codante, nombre d'exons, nombre de restes aminoacides importants pour la fonction de la protéine) et de l'existence de points (ou régions) chauds de mutation. Dans certains cas, la perte totale de fonction est létale, et seules sont admises les pertes partielles. C'est le cas notamment pour le déficit en G6PD, pour lequel n'existent que des mutations faux-sens maintenant une activité enzymatique résiduelle.

2. Gain de fonction

Les mutations associées à un gain de fonction sont plus rares.

a) Effet dominant négatif

Les mutations à effet dominant négatif affectent la fonction de l'allèle normal chez les hétérozygotes. De telles mutations caractérisent les gènes codant les protéines de structure ou capables de former des homo- ou des hétérodimères. Elles entraînent des modifications conformationnelles qui affectent la fonction de la protéine normale. C'est le cas de certaines mutations responsables de l'ostéogenèse imparfaite qui affecte les gènes codant les chaînes $\alpha 1$ (COL1A1) et $\alpha 2$ (COL1A2) du collagène de type I. Une mutation affectant la structure d'une chaîne de collagène (délétion d'un ou de plusieurs exons) exerce à l'état hétérozygote un effet plus délétère (dominant) qu'une perte totale d'expression (mutations récessives), car elle empêche une association correcte de la sous-unité raccourcie aux chaînes normales (fig. 11).

b) Acquisition d'une nouvelle fonction

C'est le cas de la mutation faux-sens p.Met358Arg du site actif de l' $\alpha 1$ -antitrypsine ($\alpha 1$ -AT), qui normalement inhibe l'élastase leucocytaire. Le nouveau variant Pittsburgh perd ses propriétés anti-élastase pour devenir un puissant inhibiteur des facteurs de coagulation de type sérine protéase et plus particulièrement de la thrombine. En conséquence les patients porteurs de cette mutation présentent un syndrome hémorragique.

c) Surexpression

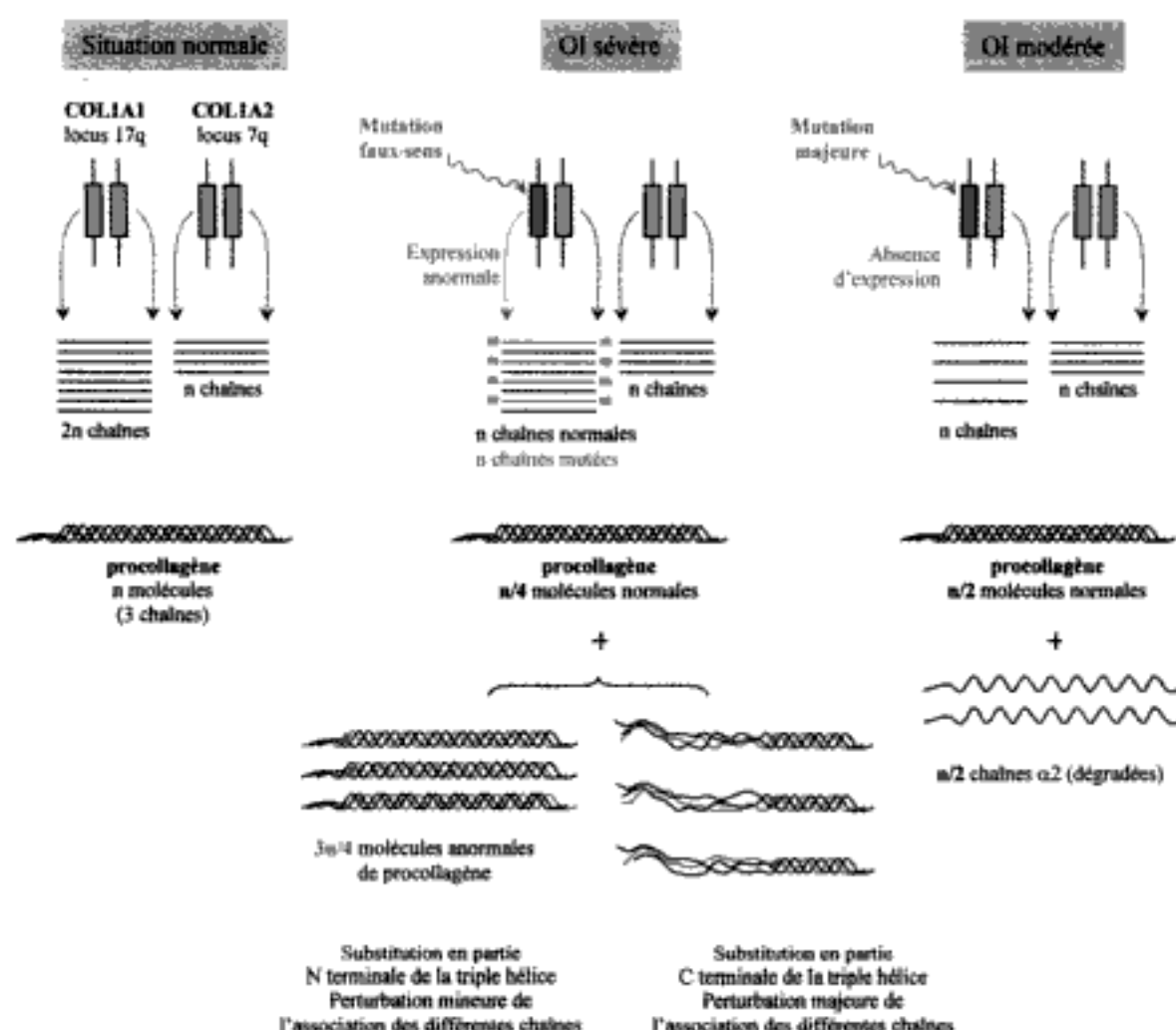
Il est exceptionnel que le gain de fonction soit lié à une surexpression. L'augmentation de la quantité de protéine faisant suite à une duplication génique est un autre mécanisme retrouvé pour la neuropathie de Charcot-Marie-Tooth de type 1A, où la surexpression de PMP22 provoque une myélinogénèse anormale.

d) Modification des propriétés fonctionnelles, production d'une protéine toxique

Dans d'autres cas, les propriétés fonctionnelles sont modifiées, notamment pour les hémoglobines dont l'affinité pour l'oxygène est augmentée ou diminuée, ou pour la mutation p.Gly380Arg très spécifique de FGFR3, récepteur du FGF (*fibroblast growth factor*) et responsable de l'achondroplasie. Cette mutation paraît entraîner une activation constitutive du récepteur.

Un cas particulier de gain de fonction ou de propriétés toxiques, encore inexpliqué, concerne la maladie de Huntington et d'autres maladies dites à expansion de polyglutamines. La maladie de Huntington est probablement une des seules maladies dominantes où les homozygotes ne paraissent pas plus atteints que les hétérozygotes.

Des mutations faux-sens du gène codant le précurseur du peptide β -amyloïde (APP) sont à l'origine de certaines formes précoces de la maladie d'Alzheimer. Ces mutations interfèrent avec le catabolisme de l'APP et augmentent la production de peptide $\beta A4$ dont l'agrégation en fragments insolubles est à l'origine des plaques séniles.



La molécule de collagène de type I est un hétérotrimère constitué de deux chaînes $\alpha 1$ et d'une chaîne $\alpha 2$ codées par les gènes *COL1A1* et *COL1A2* enroulées en triple hélice et qui résulte du clivage enzymatique des extrémités amino- et carboxyterminales d'un précurseur : le procollagène. Les mutations nulles de l'un ou l'autre des gènes *COL1A1* et *COL1A2* ont un effet moins sévère que les mutations responsables de l'altération de la structure de la triple hélice (d'après Strachan T. et Read A.P., 2003).

Figure 11. Effet dominant négatif des mutations des gènes de collagène

3. Perte de fonction ou gain de fonction, l'exemple de RET

RET code un récepteur de la membrane cellulaire. Lorsque son ligand, GDNF, se lie au domaine extracellulaire, il induit la dimérisation du récepteur qui transmet alors le signal à la cellule par l'intermédiaire du domaine intracellulaire à fonction tyrosine kinase.

Un grand nombre de mutations « perte de fonction » ont été rapportées interférant avec la maturation posttraductionnelle de la protéine RET, une des causes de la maladie de Hirschsprung, maladie héréditaire dominante autosomique.

Certaines mutations très spécifiques faux-sens sont retrouvées dans des maladies totalement différentes comme les cancers familiaux médullaires de la thyroïde. Ces mutations sont des mutations « gain de fonction » produisant la présence d'un récepteur qui se lie de manière excessive au ligand ou reste actif de manière constitutive et se dimérise même en l'absence du ligand.

Certains patients présentent une maladie de Hirschsprung et un cancer médullaire de la thyroïde, ce qui montre qu'une mutation peut avoir différents effets (gain ou perte de fonction) dans différents types cellulaires en fonction de l'expression du gène.

C. Unicité ou diversité des mutations

Certaines maladies sont caractérisées par une mutation unique, d'autres par une mutation prédominante, d'autres enfin par une extrême hétérogénéité des mutations (plus de 130 pour la β -thalassémie, plus de 600 pour la mucoviscidose).

1. Mutation unique

Une mutation est unique lorsqu'une modification fonctionnelle très précise de la protéine ou de l'expression du gène est responsable de la maladie (anémie falciforme et mutation β^s , achondroplasie, maladie de Huntington, maladie de Steinert).

Ces mutations uniques peuvent avoir différentes origines : on a pu déduire de l'étude des haplotypes autour du gène β -globine que cinq mutations *fondatrices*, survenues il y a deux à trois mille ans, sont à l'origine des millions de porteurs du gène HbS.

2. Mutations prépondérantes

Les mutations prépondérantes sont expliquées soit par l'existence d'un point chaud de mutations récurrentes dans le gène (inversion dans l'hémophilie A, délétions dans l'amyotrophie spinale) ou, plus fréquemment, par un *effet fondateur* ou une dérive génétique, en général dans une population donnée (mutation p.Phe508del de la mucoviscidose, thalassémie).

3. Mutations hétérogènes

Une très grande hétérogénéité de mutations est quasiment la règle (hors effet fondateur) dans les maladies par perte de fonction. Les cas extrêmes d'hétérogénéité des mutations sont illustrés par la plupart des maladies sévères liées à l'X, ou par les maladies autosomiques dominantes affectant l'efficacité reproductrice des patients. Dans ces cas, les mutations sont « perdues » en quelques générations et on ne retrouve que des mutations « privées », spécifiques de chaque famille. Le spectre de ces mutations reflète alors directement la sensibilité du gène à différents mécanismes mutationnels.

Pour un certain nombre de maladies héréditaires, des bases de données sont accessibles sur l'Internet, la principale étant OMIM, Online Mendelian Inheritance in Man, au National Centre of Biotechnologies Informations, NIH: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>

Conclusion

L'identification des mutations à l'origine des maladies héréditaires monofactorielles humaines a pris ces dernières années un essor considérable. Il est devenu pos-

sible d'établir le spectre des mutations pour une maladie génétique donnée et des mécanismes mutationnels nouveaux ont été identifiés : insertions, inversions, expansions de répétitions trinuécléotidiques.

La connaissance des défauts moléculaires a permis de mieux cerner les mécanismes de gain ou de perte de fonction, de comprendre le mode de transmission dominant ou récessif, d'expliquer les phénomènes d'anticipation, d'identifier des effets fondateurs au sein de populations particulières, d'établir des corrélations génotype-phénotype et de mettre à jour une hétérogénéité allélique et génétique. L'identification des mutations délétères est également à la base du diagnostic génotypique qui occupe actuellement une place prépondérante en matière de conseil génétique et de diagnostic prénatal.

L'essentiel de la question

L'établissement d'un arbre généalogique permet de définir le mode de transmission d'une maladie génétique.

L'hérédité récessive autosomique est liée aux autosomes. Un sujet possédant les deux allèles mutés d'un même gène est malade (homozygotes ou hétérozygotes composites). Lors de l'union la plus fréquente de deux hétérozygotes, le génotype de la descendance est composé de $1/4$ de sujets homozygotes malades, $1/2$ de sujets hétérozygotes sains et $1/4$ de sujets homozygotes sains.

L'hérédité dominante autosomique est également liée aux autosomes. Un caractère pathologique est dominant lorsqu'il apparaît chez les sujets hétérozygotes. Lors de l'union la plus fréquente entre un sujet hétérozygote malade et un sujet sain, le génotype de la descendance est composé de $1/2$ de sujets hétérozygotes malades, $1/2$ de sujets homozygotes sains. Pénétrance incomplète et expressivité variable peuvent moduler le phénotype des maladies dominantes.

Les maladies récessives liées au chromosome X touchent les hommes (hémizygotes) et sont transmises par les femmes dites conductrices (hétérozygotes) apparemment saines. Lors de l'union la plus fréquente entre un homme sain et une femme conductrice hétérozygote, le génotype de la descendance est composé de $1/2$ de garçons malades, $1/2$ de garçons sains, $1/2$ de filles conductrices hétérozygotes et $1/2$ de filles saines homozygotes.

L'hérédité liée à l'X est dite dominante lorsque le gène morbide s'exprime à l'état homozygote ou hétérozygote chez la femme et hémizygote chez l'homme. L'affection s'exprime habituellement de façon plus sévère chez l'homme. La transmission de la maladie par le père touchera 100 % de ses filles, la transmission par la mère touchera 50 % de ses enfants quel que soit le sexe.

L'hérédité mitochondriale est déterminée par un gène porté par l'ADN mitochondrial dont la mutation est transmise selon le mode maternel. En effet, seules les mitochondries de l'ovocyte sont transmises à la descendance. Une femme transmet donc la mutation à tous ses enfants. L'hétéroplasmie explique habituellement l'expression très variable de ces maladies.

Les mécanismes mis en jeu dans la transmission des maladies héréditaires sont variés. Il peut s'agir de mutations ponctuelles (transitions, transversions) mais également de délétions, duplications, inversions se produisant la plupart du temps par recombinaison de séquences répétées homologues ou par recombinaison illégitime entre deux séquences non homologues. L'amplification de triplets nucléotidiques est également en cause dans un certain nombre de maladies. Des mécanismes plus rares peuvent intervenir : la conversion génique, insertion de séquences répétées dispersées, réarrangements chromosomiques. Ces mutations peuvent être héritées ou apparaître *de novo* et se transmettre alors à la descendance.

Les conséquences de la présence de ces mutations sont la perte ou le gain de fonction de la protéine codée par le gène muté en cause.

On parle de perte de fonction lorsque la mutation entraîne une perte totale ou partielle d'expression du gène ou la synthèse d'une protéine partiellement ou totalement inactive. Les mutations en cause peuvent être retrouvées au niveau du promoteur ou des séquences régulatrices de l'expression de gènes. Elles peuvent également affecter l'épissage de l'ARNm, sa polyadénylation, sa traduction (mutations faux-sens, non-sens, *frameshift*, apparition d'un codon STOP). La perte de fonction est retrouvée dans la majorité des maladies récessives et dans les maladies dominantes par haplo-insuffisance.

On parle de gain de fonction lorsque les mutations en cause présentent un effet dominant négatif (le produit de l'allèle muté affecte la fonction de la protéine codée par l'allèle normal) ou entraîne l'apparition d'une nouvelle fonction, une surexpression, ou une modification des propriétés fonctionnelles de la protéine (production d'une protéine toxique).

Pour en savoir plus

- Feingold J., Fellous M., Solignac M. *Principes de génétique humaine*. Paris, Hermann, 1998.
- Labrune P. *Hérédité monofactorielle : construction et interprétation d'un arbre généalogique – Principes du conseil génétique*. Pédiatrie 2. Paris, Doin, coll. « Intermed », 1999.
- Pasternak J.J. *An introduction to human molecular genetics: mechanisms of inherited diseases*. Bethesda (États-Unis), Fitzgerald Science Press Inc., 1999.
- Strachan T., Read A.P. *Human Molecular Genetics* 3. Garland Science Publishing, 3^e éd., 2003.
- Hanna N., Parfait B., Vidaud D., Vidaud M. *Mécanismes et conséquences des mutations*. Med Sci 2005 ; 11 (21) : 969-80.



Les méthodes d'analyse des variations de séquence des acides nucléiques

S. MOUTEREAU, S. LORIC

Service de biochimie-génétique, Hôpital Henri Mondor, AP-HP, Créteil.

- I. Rappel sur les anomalies géniques pouvant donner lieu à des modifications de séquence**
 - A. Macrolésions
 - B. Microlésions
- II. Analyse qualitative des variations de séquence**
 - A. Analyse de l'ADN
 - B. Analyse de l'ARN messenger
- III. Analyse quantitative de l'expression des gènes**
 - A. Dot blot, slot blot
 - B. Southern blot, Northern blot
 - C. PCR quantitative
- IV. Cas particuliers des techniques à très haut débit**

La question rédactionnelle de biologie moléculaire, « Les méthodes d'analyse des variations de séquence des acides nucléiques », telle qu'elle est apparue au Journal officiel dans la section II (question 3), se devrait de couvrir l'intégralité des techniques d'analyses de séquences qui sont aussi nombreuses que variées. À la faveur des programmes de séquençage de génomes entiers (de la levure à l'homme), les techniques employées évoluent sans cesse : miniaturisation, baisse des coûts, automatisation, etc. Il est impossible aujourd'hui d'être exhaustif sur le sujet. Nous détaillerons donc, d'une part, les techniques qui ont fait date dans l'histoire et qui sont, à défaut d'être employées en routine, toujours, pour la plupart, utilisées dans des laboratoires de recherche et, d'autre part, les techniques plus récentes, qui sont à la base de toutes les analyses de séquence réalisées dans les laboratoires de génétique moléculaire. Néanmoins, les nouveaux automates restent très coûteux et sont donc réservés à des laboratoires de taille conséquente. Les anciennes techniques, parmi lesquelles figure toujours la méthode historique de Southern, couplée ou non à l'amplification *in vitro* (polymerase chain reaction, PCR), sont encore très employées, en particulier dans les laboratoires de recherche. En effet, l'analyse des variations de séquence de l'ADN est tout aussi indispensable lorsqu'il est nécessaire de préciser la séquence d'un gène nouvellement cloné que lorsqu'il s'agit de mettre en évidence une altération génique d'un gène connu ayant un retentissement clinique. Au niveau d'un ARN messenger, l'analyse s'attachera surtout à rechercher l'existence de modifications transcriptionnelles pouvant avoir un retentissement direct sur la synthèse et/ou la fonctionnalité de la protéine traduite. Sur le plan clinique, ces analyses seront menées à la fois pour objectiver des modifications constitutionnelles (maladies génétiques) et des modifications acquises (mutations somatiques des pathologies cancéreuses).

I. Rappel sur les anomalies géniques pouvant donner lieu à des modifications de séquence

Ces anomalies peuvent se produire en tout point d'un gène et avoir ou non un retentissement clinique. On distingue les macrolésions, intéressant de grandes parties de matériel génétique, des microlésions, qui n'affectent que des parties extrêmement limitées du génome.

A. Macrolésions

1. Délétions et insertions

Les délétions résultent de l'excision d'un segment d'ADN avec rétablissement de la continuité de la double hélice. La perte de matériel est généralement variable, allant de quelques dizaines de paires de bases jusqu'à plus de cinq millions de paires de bases. Néanmoins, ce seuil est très largement dépassé dans les très grandes délétions intéressant tout un segment chromosomique, voire un chromosome entier. Une délétion complète supprime, bien entendu, toute synthèse de l'ARNm donc de la protéine concernée. Une délétion partielle d'un ou plusieurs exons aboutit

soit à une absence de protéine, soit à la formation d'une protéine tronquée. Une délétion dans une zone régulatrice abolit ou diminue la synthèse, la protéine résiduelle restant normale. Une modification du cadre de lecture aboutit à la synthèse d'une protéine aberrante.

Le mécanisme des délétions est le plus souvent un *crossing-over* inégal par recombinaison entre des séquences homologues non alléliques soit à l'intérieur d'un même gène, soit à l'extérieur du gène (délétion partielle ou complète).

Les insertions peuvent être rapprochées des délétions. À l'inverse, elles correspondent à l'introduction dans un gène d'une séquence exogène mobile (transposon) ou d'origine virale, voire d'un segment délété ailleurs dans le génome.

2. Amplification génique

Elle concerne la multiplication, souvent en tandem, de séquences normalement présentes en exemplaire unique dans le génome. Cette amplification peut se manifester jusqu'à l'apparition de minichromosomes surnuméraires (double-minute).

Ce type de phénomène apparaît surtout dans des processus tumoraux. L'amplification du segment portant le gène d'intérêt conduit alors à la production d'une grande quantité de la protéine correspondante par les cellules tumorales. Si cette protéine correspondante est dotée de propriétés proto-oncogéniques, elle va avoir des effets importants sur les cellules tumorales adjacentes. L'exemple type est celui de l'amplification du proto-oncogène *c-erbB2* dans les cancers du sein. Ce gène est amplifié jusqu'à dix fois dans les cellules mammaires tumorales. Il code pour la protéine *ERBB2* qui est le récepteur au facteur de croissance EGF (*epidermal growth factor*). La réponse des cellules tumorales à ce facteur de croissance est donc fortement amplifiée, ce qui concourt à une augmentation de la prolifération cellulaire néoplasique.

3. Réarrangements géniques

a) Conversion génique

Elle correspond au remplacement de tout ou partie de la séquence d'un gène par celle d'un gène apparenté par échange de brins d'ADN entre deux locus similaires.

b) Fusion de gènes

Pour que se déroule une fusion de gènes, une double cassure doit se produire dans deux gènes distincts avec transposition de l'un dans l'autre. Cette transposition peut se faire à l'intérieur d'un chromosome ou intéresser deux chromosomes différents. Dans ce dernier cas, il s'agit d'une translocation (par exemple, fusion *bcr-abl* du chromosome Philadelphie). Dans l'ADN résultant de la translocation, les gènes peuvent être raboutés soit dans le même sens, soit dans une orientation opposée.

c) Inversion

Elle correspond au changement d'orientation, tête-bêche, d'un segment plus ou moins long de l'ADN.

B. Microlésions

1. Mutations

Une mutation ponctuelle, selon sa localisation aux abords ou dans le gène, peut avoir des conséquences transcriptionnelles et/ou traductionnelles.

L'existence de mutations dans les régions régulatrices 5' du gène (en particulier dans les boîtes TATA ou CAAT) peut déprimer ou même supprimer la biosynthèse protéique. D'autres peuvent affecter l'épissage des ARNms produits. Une mutation pourra créer un nouveau site d'épissage sur un exon, de sorte qu'une partie de cet exon sera épissée par activation de sites cryptiques d'épissage. Une mutation dans la région consensus d'épissage à la jonction intron-exon peut supprimer un site d'épissage de sorte que l'intron ne sera pas éliminé. On obtient donc un épissage alternatif qui, la plupart du temps, réduira la synthèse protéique normale sans toutefois la supprimer. De la même manière, on observe des mutations en 3' dans la partie non codante du gène, en particulier au niveau du signal de polyadénylation. Toutes ces mutations à retentissement transcriptionnel et post-transcriptionnel peuvent aboutir à l'accumulation de transcrits instables au niveau nucléaire ou qui, simplement modifiés pourront toutefois être traduits.

Lorsqu'un tel changement se produit dans la partie codante du gène, un acide aminé (AA) est remplacé par un autre. Si la base modifiée est la troisième d'un codon, il s'agit le plus souvent d'une mutation neutre puisque, la nature de l'AA codé reste généralement inchangée. Si la nature de l'AA change avec la mutation, l'activité de la protéine synthétisée est généralement altérée : il s'agit d'une mutation faux-sens. Deux autres cas sont envisageables :

- une mutation peut aboutir à la formation d'un codon de terminaison et interrompre prématurément la synthèse laissant une protéine tronquée généralement inactive ou non viable (mutation non-sens) ;
- à l'opposé, le remplacement du codon normal de terminaison en un codon signifiant donne une protéine prolongée (jusqu'au codon STOP suivant), en général instable.

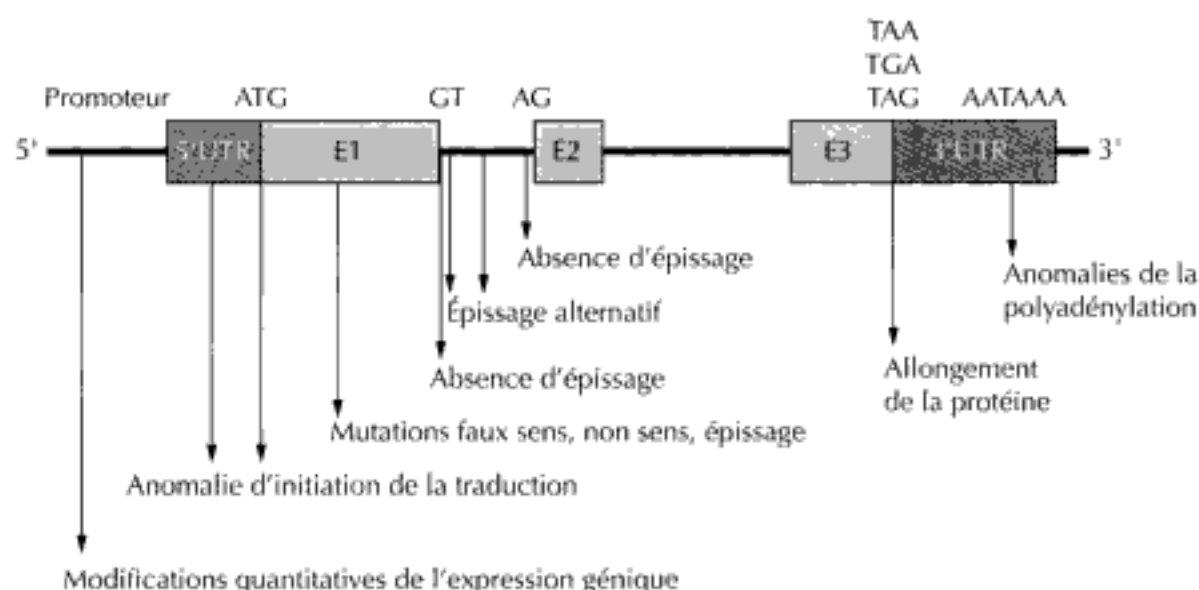


Figure 1. Modifications induites par une mutation ponctuelle dans les zones intra- et juxtagéniques

2. Dérapage réplcatif

Il s'agit d'accidents réplcatifs qui vont favoriser une amplification ou une réduction du nombre de répétitions au niveau des régions du génome présentant des successions de courts motifs répétés (mono- ou oligonucléotidique). Ces régions semblent être des zones instables facilement sujettes à des polymorphismes. Ce type de mécanisme est incriminé dans la survenue d'un certain nombre de syndromes (X-fragile, Kennedy, etc.). Plusieurs types d'altérations existent donc, qui peuvent affecter une séquence d'acides nucléiques :

- certaines affecteront qualitativement la nature de la séquence d'acides nucléiques (ADN ou ARN) et avoir un retentissement sur la nature des protéines traduites ;
- d'autres auront un effet quantitatif qui modifiera l'homéostasie cellulaire (amplification génique de certains oncogènes).

L'analyse moléculaire qui sera mise en œuvre visera principalement à objectiver ces modifications de séquence et, si possible, à corrélérer le génotype au phénotype. Dans certains cas (pathologies cancéreuses notamment), les variations quantitatives pourront avoir un impact pronostique sur le devenir des malades.

II. Analyse qualitative des variations de séquence

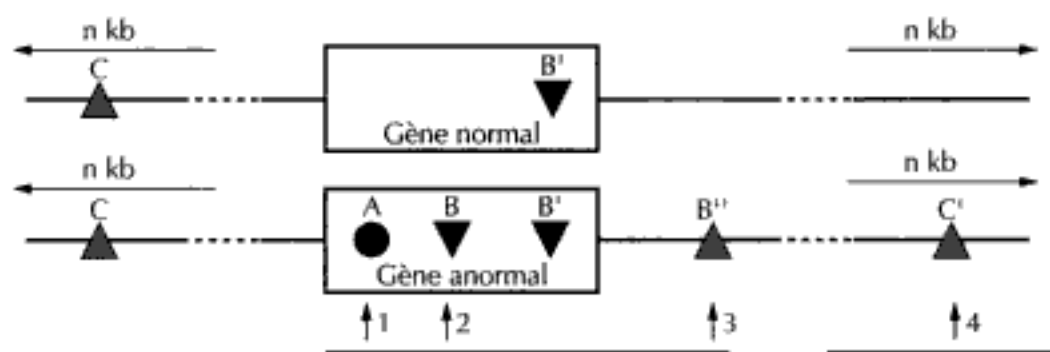
On dispose d'une grande variété d'outils pour l'étude des anomalies génétiques. Ces outils peuvent s'appliquer à l'étude de l'ADN, présent dans toutes les cellules de l'organisme et donc dans les lymphocytes sanguins, ou à celle de l'ARN dont l'accessibilité est limitée aux cellules des tissus où le gène est exprimé. Lorsque le gène s'exprime dans les lymphocytes sanguins ou dans d'autres cellules facilement accessibles, il peut être plus avantageux d'étudier l'ARN, qui contient une majeure partie de la séquence du gène où se trouvent les mutations, plutôt que l'ADN dont l'analyse peut s'avérer longue et coûteuse lorsqu'il s'agit d'analyser certains grands gènes.

A. Analyse de l'ADN

Lors d'une analyse génétique, plusieurs cas de figure peuvent être envisagés et influencer sur la nature des examens à mettre en œuvre :

- si le gène responsable est cloné ;
- si la lésion est connue et univoque, l'existence d'une altération de ce gène peut être mise en évidence directement et ne réclame aucune étude familiale préalable (diagnostic direct) ;
- si la lésion est très variable ou inconnue, le diagnostic peut être obtenu par l'exploration de polymorphismes intra- ou juxtagéniques à l'aide de sondes spécifiques du gène (diagnostic semi-direct) ;
- si le gène en cause est totalement inconnu, l'approche employée pour le diagnostic semi-direct peut être mise en œuvre. On utilise alors des polymorphismes de restriction (RFLP) situés aussi près que possible du locus morbide et l'encadrant (*diagnostic indirect*). L'association entre l'allèle de restriction et l'allèle pathologique est fortuite et va varier d'une famille à l'autre. Il faut alors pratiquer une

étude généalogique des polymorphismes de chaque famille. La fiabilité du diagnostic par polymorphismes liés dépend du risque de recombinaison qui est proportionnel à la distance génétique entre le site de restriction utilisé pour le diagnostic et le siège de la mutation pathologique.



Méthode directe :

1. Détection de la mutation (A) par une sonde spécifique du gène et reconnaissance de la lésion (sonde spécifique du gène)

Méthodes indirectes :

2. Mise en évidence d'un site polymorphe intragénique (B) associé à la lésion (sonde spécifique du gène)
3. Mise en évidence d'un site polymorphe juxtagénique (B') associé à la lésion (sonde spécifique du gène)
4. Mise en évidence d'un site polymorphe (RFLP) extragénique (C') génétiquement associé au locus morbide (sonde anonyme)

C' et B' sont respectivement des polymorphismes extra et intragéniques associés à un allèle normal.

Figure 2. Méthodes de diagnostic d'un gène anormal

Ces stratégies sont appliquées à un certain nombre de maladies génétiques monofactorielles, pour le diagnostic prénatal, le diagnostic des hétérozygotes et le diagnostic des néomutations. En cancérologie, les anomalies de l'ADN somatique bénéficient de la même approche méthodologique.

Parmi les méthodes de détection des mutations, on distingue celles qui sont fondées sur la recherche spécifique d'une ou plusieurs mutations connues (techniques dites de « criblage ») de celles dites de « balayage » (*scanning*), qui détectent n'importe quelle variation de séquence dans une séquence d'ADN ou d'ARN de quelques centaines de paires de bases, sans préjuger de leur localisation ni de leur nature. Ce sont ces dernières qui permettent de déterminer le spectre des mutations les plus fréquentes responsables d'une maladie. De là, il est possible de définir, de mettre au point et d'utiliser ainsi en première intention les outils de criblage les mieux adaptés.

1. Recherche d'une mutation ponctuelle connue (diagnostic génotypique direct)

a) Diagnostic direct par apparition ou suppression d'un site de restriction au site de mutation

■ La méthode de Southern

Cette méthode reste le prototype de la méthode employée pour analyser le génome humain. Son efficacité repose sur la mise en œuvre sur support solide (une des séquences complémentaires est immobilisée) d'une propriété fondamentale des acides nucléiques, l'*hybridation*, qui permet à deux séquences complémentaires d'acides nucléiques de s'associer entre elles de manière spécifique. La méthode de Southern repose sur une hybridation ADN-ADN.

Principe de la méthode : tout changement de séquence nucléotidique (le plus souvent en un point) peut suffire à faire apparaître ou disparaître une séquence spécifique constituant un site de restriction pour une endonucléase. Dès lors, l'utilisation de cette enzyme de restriction sur l'ADN portant cette mutation va permettre de l'objectiver lorsque le profil de restriction sera comparé à un profil témoin. Cette technique comporte les étapes suivantes :

- fragmentation de l'ADN génomique par une enzyme de restriction appropriée ;
- séparation par électrophorèse en gel d'agarose des fragments obtenus ;
- agitation du gel dans une solution de soude qui casse l'ADN en petits fragments et dissocie l'ADN de sa forme bicaténaire en forme simple brin ;
- transfert de l'ADN (*blotting*) présent dans le gel sur une membrane de nylon (plus résistant que la nitrocellulose) par capillarité. Le gel est déposé toute une nuit sur un système qui assure son hydratation en continu. L'ensemble est recouvert d'un épais paquet de papier très hydrophile qui absorbe le liquide contenu dans le gel d'agarose et crée un courant liquidien ascendant qui entraîne l'ADN. Le système peut être accéléré en utilisant un système d'aspiration sous vide, ou en appliquant un courant électrique (*electroblotting*) ;
- l'ADN transféré sur la membrane y est ensuite fixé de manière covalente soit par cuisson à 80 °C pour la nitrocellulose, soit par irradiation aux UV pour le nylon ;
- la membrane portant l'ADN à typer est ensuite préhybridée (deux heures) avec de l'ADN extrait de sperme de saumon pour saturer les sites potentiels de fixation non spécifique ;
- puis, la membrane préhybridée est hybridée à température élevée (55 °C-65 °C) pendant plusieurs heures avec une sonde monobrin spécifique marquée (le plus souvent radiomarkée pour atteindre la sensibilité requise) qui ira se fixer préférentiellement sur la séquence cible complémentaire ;
- la membrane est ensuite lavée avec des solutions de stringence croissante afin d'enlever la majeure partie du marquage aspécifique (le ou les fragments reconnus par la sonde forment avec celle-ci un duplex qui résiste aux différents lavages) ;
- la visualisation des bandes est effectuée par autoradiographie (maintenant également par des techniques froides). La qualité du signal dépend directement de la nature de la sonde (plus elle est longue et marquée, meilleur est le résultat). La valeur du rapport signal-bruit dépend directement de la qualité des lavages.

■ Applications de la technique de Southern

Établissement de cartes de restriction

Dans ce cas, on étudiera en parallèle l'action de plusieurs enzymes de restriction sur l'ADN génomique. Cette étude permettra de comparer des profils de restriction. La comparaison des cartes de restriction de l'ADN génomique et de l'ADN complémentaire est utilisée aussi pour repérer les parties introniques.

Mise en évidence de pseudogènes et des gènes apparentés

Une sonde suffisamment longue peut s'hybrider avec une séquence légèrement divergente de la séquence complémentaire idéale si les conditions de stringence ne sont pas trop fortes. C'est ainsi que l'on peut détecter des séquences homologues appartenant aux gènes d'une même famille.

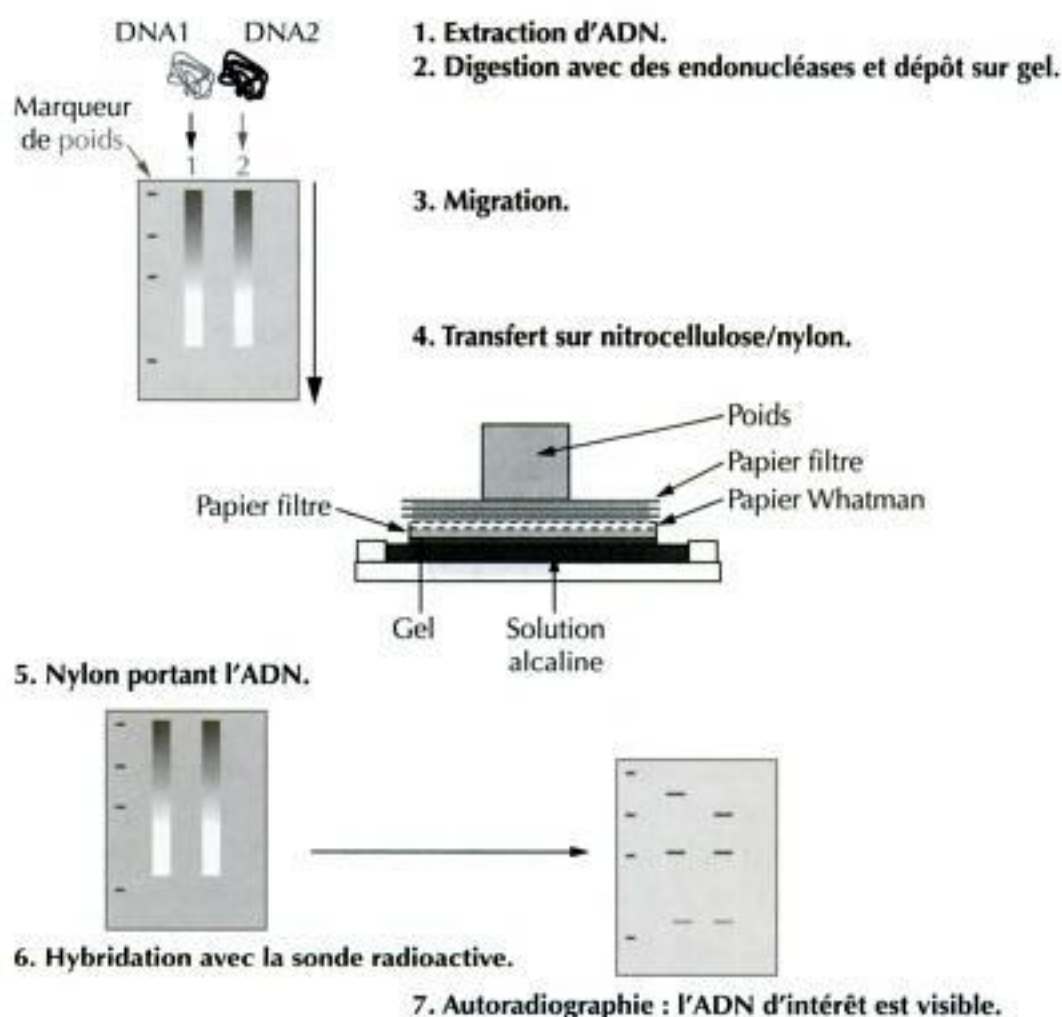


Figure 3. Technique d'hybridation de Southern (*Southern blot*)

Détection des polymorphismes

L'existence d'un polymorphisme au niveau de l'ADN génomique est une des causes fréquentes de variation des longueurs des fragments de restriction que l'on peut observer dans une population. Si la variation touche plus de 1 % des individus non apparentés, il s'agit d'un polymorphisme de restriction (révélé par des modifications de la carte de restriction).

Détection des délétions

Si ces délétions sont supérieures à cinquante paires de bases (bp), on peut les objectiver par une diminution de la longueur d'un fragment de restriction, voire sa disparition. Néanmoins, les délétions partielles ne peuvent pas être affirmées sans l'exploration par d'autres enzymes de restriction de manière à apporter la preuve que le raccourcissement observé ne correspond pas simplement à une mutation ponctuelle créant un seul site supplémentaire.

Détection de certaines mutations ponctuelles et de recombinaisons

Certaines mutations ponctuelles peuvent être mises en évidence par la disparition ou la création d'un site de restriction. De la même manière, on objectivera la survenue éventuelle de phénomènes recombinatoires par modification de la carte de restriction.

Limites de la technique

Cette analyse suppose que la carte de restriction du domaine génomique exploré est déjà connue afin de déterminer le choix du couple optimal sonde-enzyme. Les variations mises en évidence sont le plus souvent d'ordre qualitatif (modification de la carte de restriction). On peut cependant utiliser cette technique pour évaluer de manière semi-quantitative l'expression d'un gène (variation du nombre de copies) (voir « *Analyse quantitative de l'expression des gènes* »).

Cette technique reste une technique longue, compliquée, coûteuse en réactifs (elle nécessite le plus souvent l'emploi de radionucléides pour marquer les sondes car les sondes froides restent moins sensibles) et en main-d'œuvre. En outre, elle s'avère peu propice à l'automatisation. Enfin, son interprétation est difficile et les artéfacts nombreux. Elle a donc naturellement perdu peu à peu de sa prééminence avec l'apparition de la PCR.

Variantes et améliorations de la technique

Certaines enzymes de restriction bactériennes qui coupent en des sites palindromiques très remarquables et faiblement représentés dans le génome ont pu être isolées. Leur association à la séparation des acides nucléiques par électrophorèse en champ pulsé (qui permet de séparer des grands fragments d'ADN de 50 kb à plusieurs mégabases) a permis la réalisation de macrocartes de restriction qui ont jeté les premières bases du clonage de génomes entiers (en particulier chez les bactéries).

■ Utilisation de la PCR

Afin de disposer de matériel à analyser en quantité importante, on réalise une amplification préalable du fragment à étudier, qui pourra par la suite être coupé par une enzyme de restriction. La quantité de matériel obtenu est suffisante pour permettre une lecture directe des bandes en gel d'agarose (coloré au bromure d'éthidium, BET) en évitant l'étape de transfert sur membrane. Pour augmenter la sensibilité de la méthode, il est possible d'associer à la séparation des produits de PCR une hybridation à l'aide d'une sonde spécifique (couplage PCR-Southern blot).

Principe de la technique

La PCR met à profit une des propriétés des ADN polymérases, ADN dépendantes. Ces enzymes sont capables de synthétiser le brin complémentaire d'un brin cible à partir d'une amorce (petite séquence oligonucléotidique capable de se fixer sur sa partie complémentaire présente sur le brin cible). Par réplifications successives, la séquence désirée est alors amplifiée.

Généralement, on choisit des amorces oligonucléotidiques synthétiques capables de s'hybrider aux bornes de la partie de l'ADN d'intérêt à amplifier en 5' de chacun des brins. En mélangeant les deux amorces avec de l'ADN génomique dans des conditions d'hybridation, elles se positionnent en face de leurs séquences complémentaires respectives. Puis, en faisant agir une ADN polymérase, chaque amorce est allongée dans le sens 5'-3' d'une séquence exactement complémentaire du brin copié. Il en résulte un doublement de la séquence considérée à chaque réplification puisque chaque brin est copié. L'opération est ensuite recommencée et l'augmentation de produit formé est donc exponentielle. Après trente cycles, on obtient une amplification moyenne de 10^6 . La migration dans un gel d'agarose permet ensuite de séparer le produit d'amplification (fig. 4).

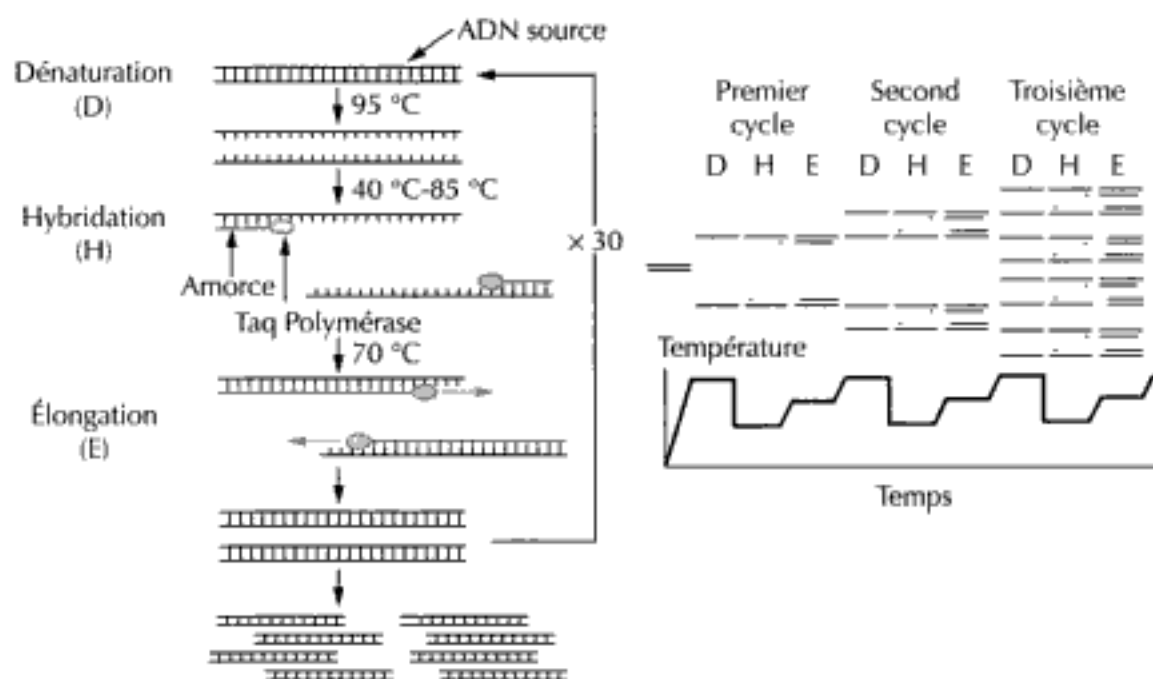


Figure 4. Amplification de l'ADN par PCR

Les trois étapes composant un cycle de PCR sont donc :

- une phase de dénaturation à 94 °C qui sépare les deux brins ;
- une phase d'hybridation à une température variant de 55 à 65 °C (température optimale de fixation des amorces sur leur cible) ;
- une phase d'élongation à 72 °C où la Taq polymérase recopie le brin cible.

Chaque étape dure en général moins d'une minute et chaque cycle produit un doublement de la séquence comprise entre deux amorces. L'amplification est donc exponentielle. Au bout de n cycles, on obtient théoriquement 2^n exemplaire du fragment d'ADN dont les extrémités sont définies par les extrémités 5' des amorces utilisées. La méthode est très simple à réaliser car elle ne nécessite que des variations de température, tous les cycles étant réalisés dans le même tube grâce à l'utilisation d'une polymérase thermorésistante (à côté de la Taq polymérase universellement employée, d'autres polymérases thermostables isolées à partir de différentes bactéries sont aujourd'hui utilisables). Cette technique est automatisée et permet donc d'amplifier à volonté n'importe quelle séquence d'ADN à condition de disposer d'amorces adéquates et donc de connaître la séquence d'ADN à amplifier. La longueur des amorces (20 à 25 bp) permet en général d'éviter les hybridations parasites. On peut donc obtenir sans clonage une amplification considérable d'une cible donnée d'ADN dont le produit peut facilement être automatisé. L'analyse du produit peut se faire de différentes façons :

- clivage du produit de PCR par une enzyme de restriction (si la mutation induit la modification d'un site de restriction) puis analyse par électrophorèse sur gel coloré au BET ;
- dépôt des produits de PCR sur membrane (*dot* ou *slot blot*) et hybridation avec des oligonucléotides internes marqués (oligosondes) spécifiques de l'allèle normal et de l'allèle muté ;
- insertion du produit de PCR dans un vecteur et séquençage ;
- séquençage direct du produit de PCR.

Avantages de la technique

Par rapport à une technique de Southern classique, la PCR est beaucoup plus sensible. Si 1 µg d'ADN (soit 150 000 cellules) correspondait à la quantité minimale d'ADN pour réaliser un Southern blot, la PCR peut théoriquement descendre à une cellule. La méthode s'avère rapide (généralement deux heures, mais on réalise maintenant des réactions de PCR en capillaire qui permettent d'effectuer trente cycles de PCR en une vingtaine de minutes), facile à mettre en œuvre et largement automatisable.

Limites de la technique

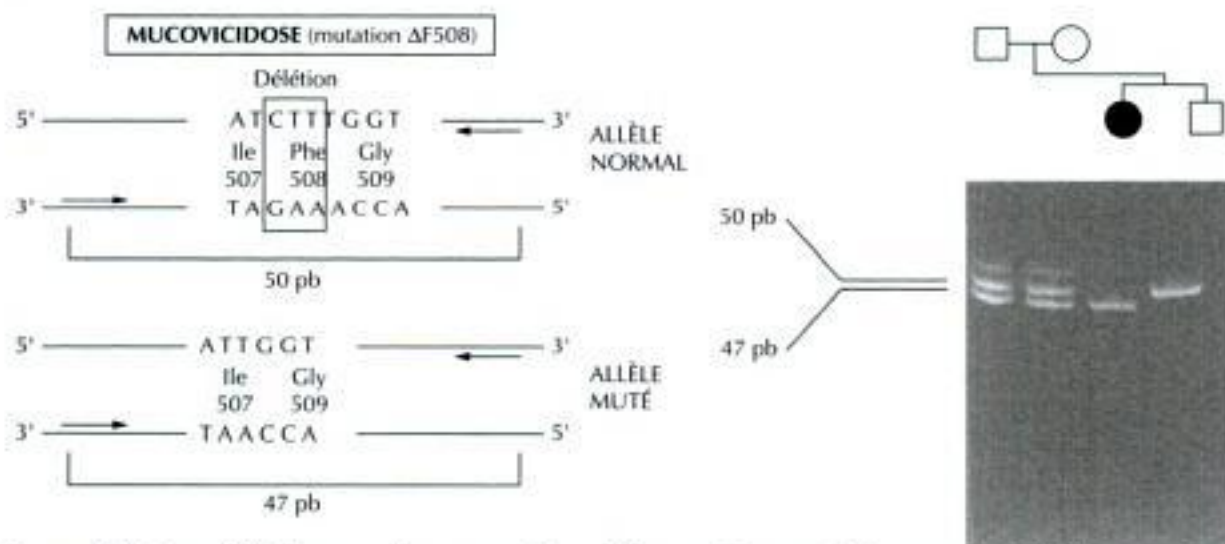
La limite principale de la PCR concerne la contamination des produits PCR par d'autres ADN, en particulier par les ADN provenant d'autres produits de PCR préalablement amplifiés. Pour s'en affranchir, il convient donc de mettre en place des conditions draconiennes de circulation des acides nucléiques :

- pièce de mélange (mix) où sont réalisés les mélanges réactionnels contenant la Taq polymérase et son tampon, les amorces, mais où jamais ne rentreront des acides nucléiques (cette pièce est généralement en surpression) ;
- pièce pré-PCR où le mélange réactionnel est mis en contact avec les acides nucléiques à tester ;
- pièce de PCR où sont réalisées les amplifications ;
- pièce post-PCR où seront réalisées les techniques permettant de visualiser la séquence amplifiée.

La seconde limite de la technique réside dans la taille du fragment à amplifier. Si l'amplification de fragments inférieurs à 1,5 kb est assez aisée, il faudra recourir pour des fragments plus longs (jusqu'à 3 kb) à des polymérases capables de les amplifier sans erreurs.

Applications de la technique

La PCR possède un champ d'application très vaste. Elle est applicable à la recherche de mutations, de délétions, de recombinaisons, de fusions géniques (type bcr-abl pour la leucémie myéloïde chronique). En revanche, la limitation en taille des fragments à analyser empêche son utilisation pour analyser des grands fragments du génome et réaliser des cartes de restriction (fig. 5).



Les amplimères délétés sont plus courts de trois bases. Cette variation est visualisable sur gel de polyacrylamide.

Figure 5. Mise en évidence par PCR d'une des délétions responsables de la mucoviscidose

Variante de la technique : le PCR multiplexe

Cette variante consiste à réaliser une amplification dans un tube unique avec plusieurs couples d'amorces spécifiques d'une partie du gène à étudier. Chaque produit d'amplification peut avoir une taille différente afin d'être différencié lors de l'analyse électrophorétique.

b) Mise en évidence de mutations ponctuelles par hybridation avec des oligosondes synthétiques (*allele specific oligoprobe*, ASO)

■ Principe de la technique ASO

Cette technique permet de mettre en évidence la présence d'une mutation ponctuelle dans de courts fragments. Deux oligonucléotides sont synthétisés et marqués avec un isotope radioactif ou un marqueur froid : l'un hybride la séquence normale et l'autre la séquence mutée. Ces oligonucléotides sont alors mis en présence avec l'ADN du patient à tester dans un milieu où les conditions n'autorisent que des appariements parfaits. Le moindre mésappariement empêche toute hybridation.

En pratique, l'ADN à étudier est amplifié par PCR de manière à obtenir une séquence quasiment pure du segment à analyser. Quelques μ l de solution sont déposés en tâche (*dot*) sur deux membranes de nylon. La première membrane est alors hybridée avec une oligosonde dont la séquence est équivalente à la séquence normale du gène, tandis que la seconde est hybridée avec l'oligosonde correspondant à la séquence mutée du gène. Si l'ADN du sujet à tester est muté, il doit s'hybrider avec l'oligosonde mutée et inversement. Un signal positif sera obtenu avec les deux sondes chez un hétérozygote.

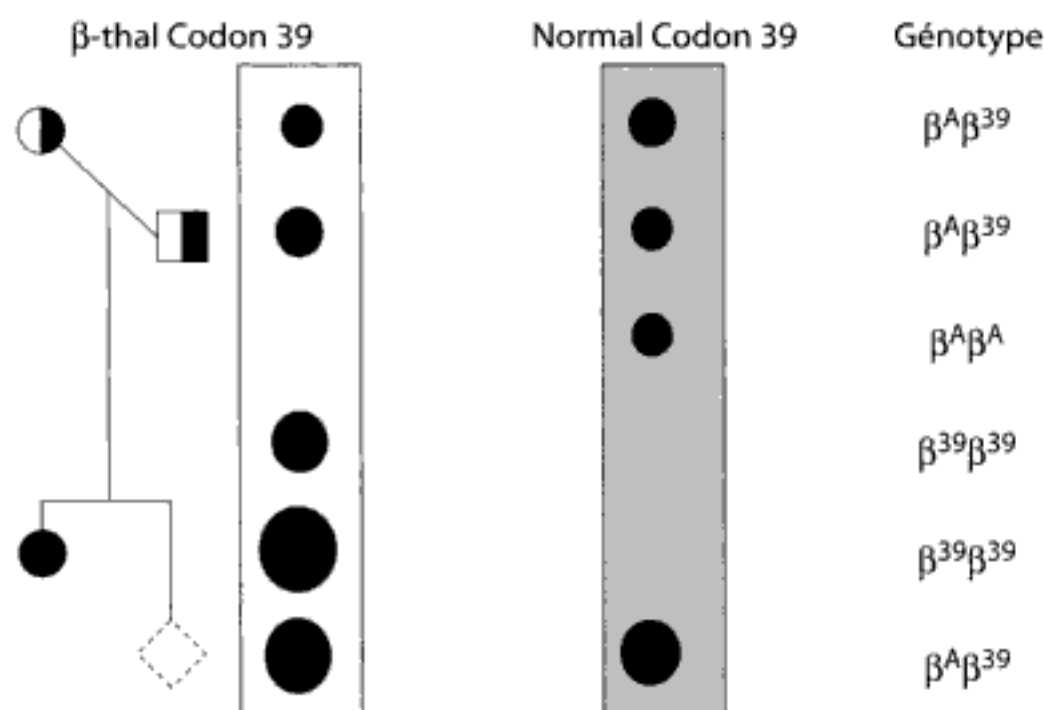


Figure 6. Hybridation post-PCR allèle spécifique et révélation par dot blot pour la détection de la β -thalassémie

■ Limites de la technique ASO

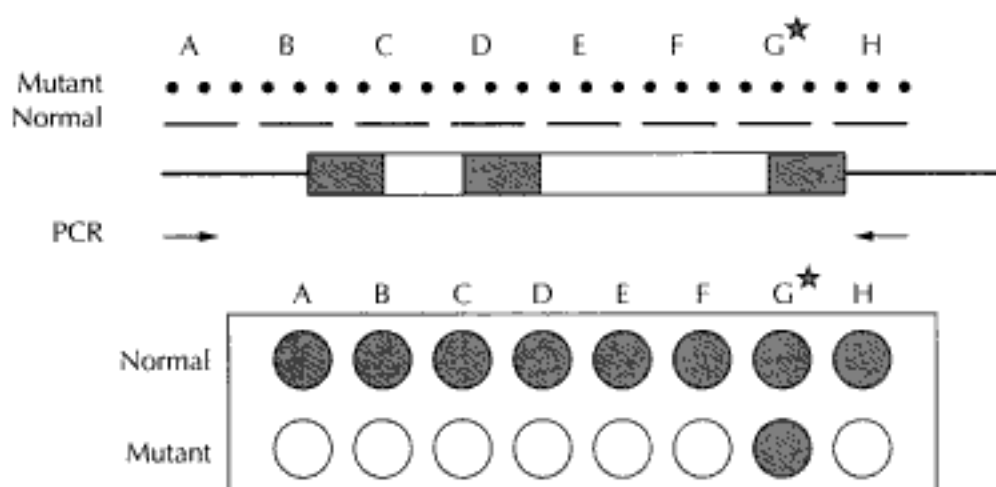
Utilisée sans amplification préalable de la séquence à tester, la méthode engendrait des sondes des signaux parasites et donc un important bruit de fond lors de l'hybridation. L'amplification préalable est donc indispensable.

La technique nécessite l'emploi de quatre oligonucléotides (deux pour l'amplification préalable et deux pour les sondes) et reste très sensible aux conditions de stringence de l'hybridation. Il est donc obligatoire pour se prémunir de toute erreur d'employer un grand nombre de témoins en parallèle.

■ Variantes

Reverse ASO

Lorsqu'il existe une hétérogénéité allélique dans la région amplifiée, on peut inverser la procédure d'ASO (*reverse dot*). Dans ce cas, l'amplimère marqué par la biotine est hybridé à un filtre sur lequel une batterie de sondes de type ASO est fixée de manière covalente. Une tâche doit apparaître avec un seul ASO indiquant directement la nature de la mutation. Cette technique est à la base de techniques automatisées sous la forme de biopuces à ADN.



Plusieurs sondes marquées sont fixées sur la membrane. Le produit de PCR porteur de la mutation s'hybride à son complémentaire.

Figure 7. Reverse ASO

Amplifications allèles dépendantes

L'allèle *specific* PCR (ASPCR) et l'*amplification refractory mutation system* (ARMS) sont des techniques d'amplification utilisant des amorces choisies de telle manière qu'elles n'amplifient que la séquence normale. Avec la séquence mutée, la technique ARMS associe à la technique ASPCR l'utilisation d'amorces présentant une autre mutation à distance afin de déstabiliser encore plus les hybrides imparfaits. Ces techniques peuvent utiliser des amorces marquées avec des fluorochromes différents pour distinguer directement les allèles après électrophorèse.

TaqMan 5' nuclease assay : il est ici nécessaire de disposer de bons témoins à cause du problème récurrent des hétérozygotes. En effet, leur détection peut, là encore, être délicate puisqu'elle repose sur l'existence d'un signal positif obtenu à la fois avec les versions sauvages et mutées des amorces.

c) Ligation répétitive d'oligonucléotides (LCR)

Cette technique va associer hybridation et ligation. Pour cela, deux oligonucléotides s'hybrident au niveau de la séquence mutée sont synthétisés. Le premier oligonucléotide doit s'arrêter immédiatement avant la base mutée et la première base du second oligonucléotide, qui correspond à la base susceptible d'être mutée. Les

deux oligonucléotides sont hybridés avec l'ADN à tester puis une ligase (thermostable) doit souder bout à bout les deux oligonucléotides s'ils se suivent parfaitement (absence de mutation). Plusieurs cycles d'hybridation-ligation sont réalisés. Le produit obtenu est analysé par électrophorèse.

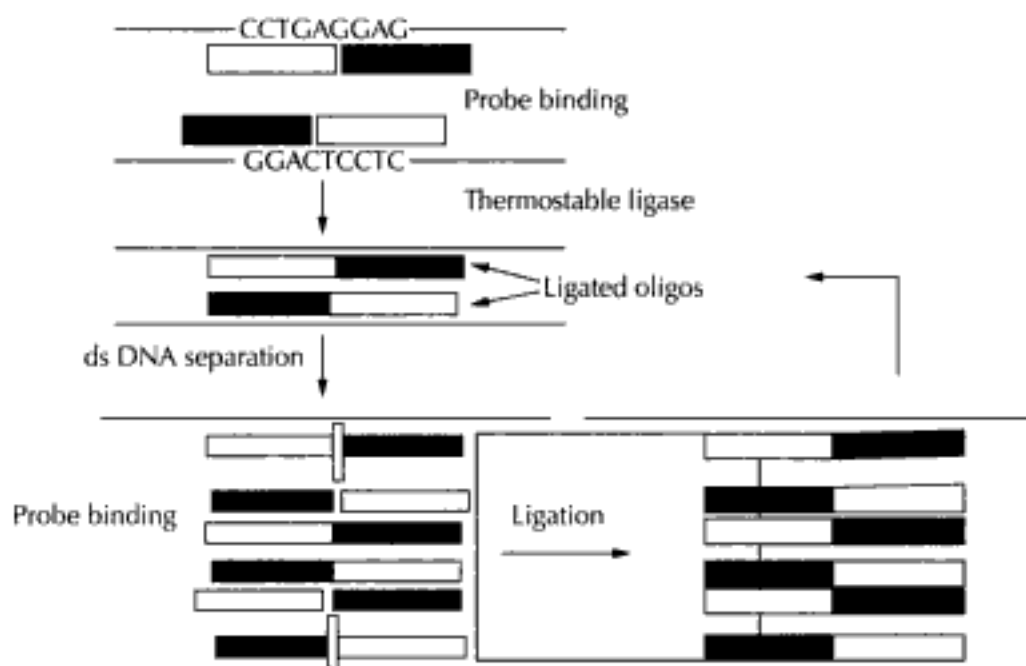


Figure 8. Ligase chain reaction

d) Association PCR-séquençage

Grâce aux développements rapides des technologies de séquençage et à la baisse constante du prix des réactifs, il devient aujourd'hui possible de séquencer directement les produits de PCR. Dans le cas d'une mutation ponctuelle connue, il suffit donc d'amplifier la région supposée être mutée à l'aide d'amorces flanquant la zone à amplifier puis de séquencer les produits de PCR obtenus.

Cette technique n'est pas soumise aux aléas des hybridations et/ou des digestions enzymatiques. Elle est donc extrêmement fiable pour peu que la polymérase utilisée soit une polymérase à très faible taux d'erreur. La technique est largement automatisable tant dans la réalisation que dans l'interprétation des résultats (des logiciels spécifiques sont susceptibles de traiter et d'analyser les séquences amplifiées). Elle peut être employée pour dépister des mutations ponctuelles ou des polymorphismes.

2. Recherche d'une mutation ponctuelle inconnue

Le problème posé par la recherche d'une mutation inconnue responsable d'une maladie héréditaire a été simplifié par le développement des techniques d'amplification par PCR.

a) Analyse des polymorphismes de conformation de l'ADN simple brin (single strand conformation polymorphism, SSCP)

■ Principe de la technique

La structure secondaire que prend un segment d'ADN simple brin est directement fonction de sa séquence. Généralement, une mutation ponctuelle au sein de cette séquence modifie suffisamment la structure secondaire pour qu'il en résulte une

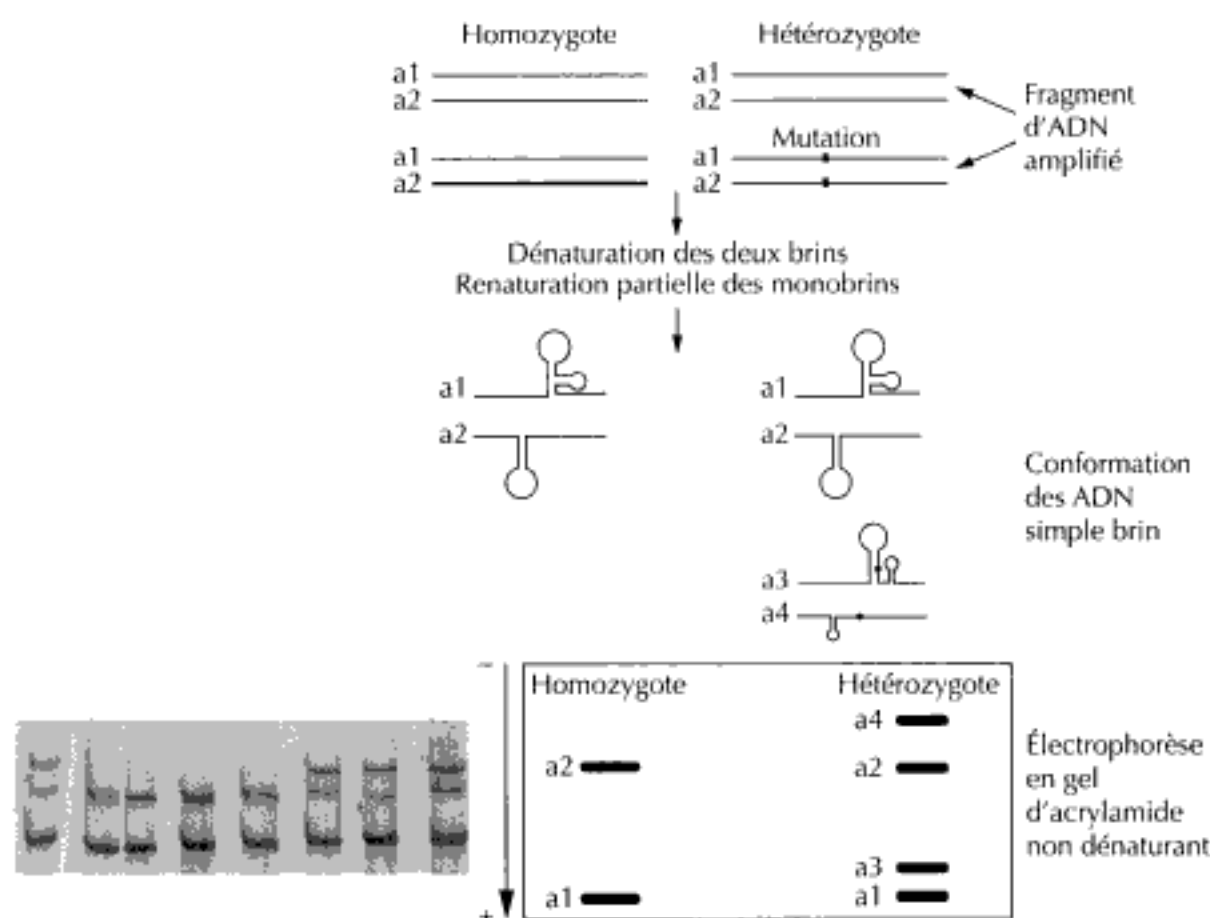
modification de migration en électrophorèse. Cette propriété permet de mettre en évidence des mutations ponctuelles.

Dans un premier temps, la séquence (pas plus de 500 bp) dans laquelle on souhaite rechercher une mutation est amplifiée par PCR. L'ADN produit est marqué par l'utilisation de nucléotides radioactifs au cours de l'amplification. Afin d'augmenter la spécificité de la technique, il est possible de réaliser une seconde PCR nichée à l'aide d'amorces plus internes que les précédentes. Ces amorces préalablement marquées à la T4 nucléotide kinase génèrent un amplimère marqué.

Le produit d'amplification est alors dénaturé par la chaleur pour séparer les deux brins d'ADN puis refroidi brutalement afin que ces deux brins restent séparés. Ces brins, qui sont ensuite séparés par électrophorèse en gel de polyacrylamide faiblement réticulé (en tampon neutre non dénaturant), vont prendre une conformation spécifique, dépendante de la séquence, conditionnant leur migration électrophorétique. Après autoradiographie, les résultats sont comparés avec ceux d'un ADN normal. Une fois dépistée, la nature de la mutation devra systématiquement être précisée par séquençage.

■ Limites de la méthode

La différence de migration entre ADN muté et ADN normal est souvent très faible, la mutation pouvant soit freiner, soit accélérer la migration. Il est donc nécessaire de traiter l'ADN normal dans des conditions les plus proches possibles de l'ADN muté pour ne pas générer de résultats faussement positifs. Le second inconvénient de la technique réside dans l'emploi de matériel radioactif.



Dans des conditions non dénaturantes, le simple brin d'ADN peut prendre différentes conformations 3D selon la séquence de départ.

Figure 9. Technique SSCP

b) Électrophorèse en présence d'un gradient de dénaturant (*denaturing gradient gel electrophoresis, DGGE*)

■ Principe de la technique DGGE

La température de fusion (T_m , *melting temperature*) d'un ADN est directement fonction de sa séquence. Une mutation ponctuelle qui la modifie entraîne donc inévitablement une modification de la T_m d'un domaine donné (domaine de fusion). Cette modification peut être mise en évidence par électrophorèse dans un gel de polyacrylamide contenant un gradient linéaire d'agents dénaturants (urée + formamide). La dénaturation provoque, pour la séquence qui présente le domaine de fusion le moins stable, l'adoption d'une conformation simple brin qui va entraîner un ralentissement considérable de sa migration électrophorétique dans le gel (fig. 10). Lorsque la mutation est présente à l'état hétérozygote, les hétéroduplex formés sont facilement identifiables.

Cette technique très puissante permet de caractériser toutes les mutations. La nature de la mutation devra être précisée par séquençage.

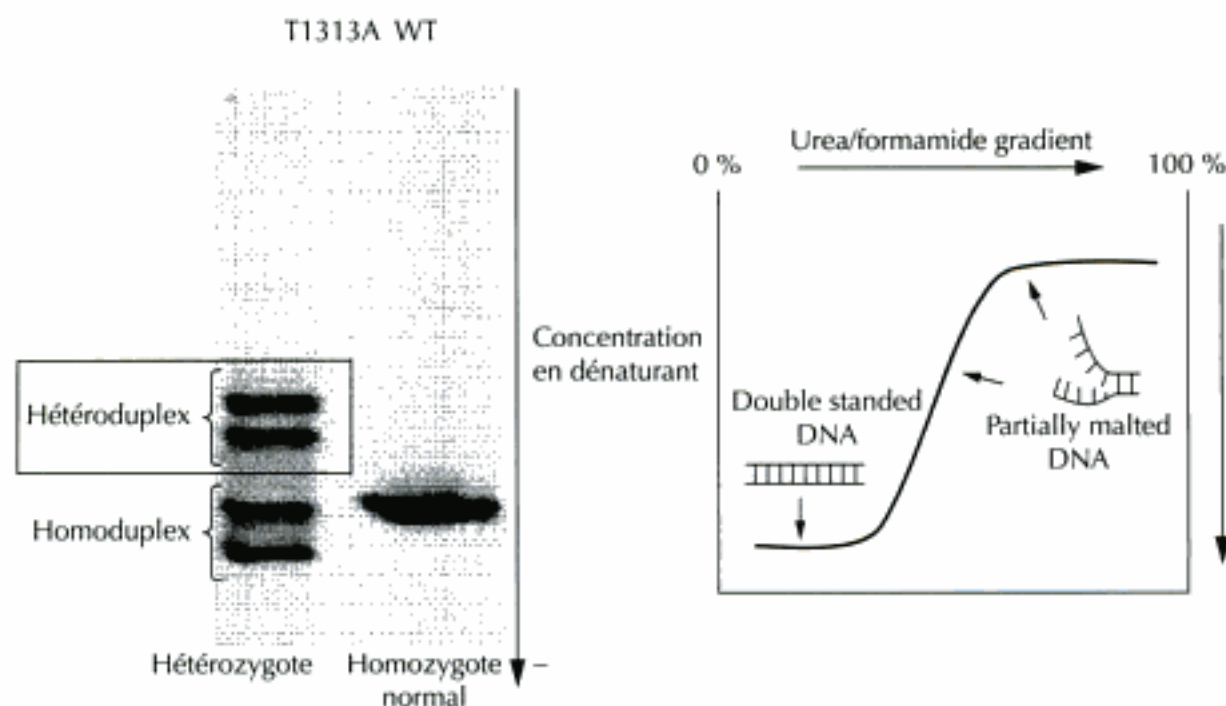


Figure 10. Technique DGGE

■ Avantages et limites

Contrairement à la technique précédente, la technique DGGE ne nécessite pas de produits radioactifs. Son principal écueil réside dans la lourdeur de sa mise au point. Elle réclame en effet une analyse informatique poussée qui permet de déterminer exactement les conditions expérimentales. Il est de plus parfois nécessaire de sensibiliser la méthode lorsque la zone ne présente pas de domaine de fusion bien individualisé en ajoutant en 5' de l'amorce une répétition de résidus CC (trente à quatre-vingts nucléotides, GC clamp) dont le T, élevé contraste avec celui de la séquence à explorer.

Cette technique a été utilisée avec succès dans le dépistage des mutations du gène CFTR qui sont responsables de la mucoviscidose.

c) Clivage chimique spécifique des mésappariements

Les mésappariements qui impliquent soit un résidu cytosine, soit une thymidine peuvent être mis en évidence par le tétraoxyde d'osmium à 4 % et l'hydroxylamine 2M qui les clivent spécifiquement. La mutation correspondante doit être séquencée. Cette technique reste peu employée en raison de la toxicité des produits utilisés.

d) Méthodes chromatographiques :

denaturing high performance liquid chromatography (DHPLC)

La DHPLC est une technique d'HPLC appliquée à l'analyse génétique : elle permet de détecter des anomalies (mutations ou polymorphismes) dans un fragment d'ADN double brin en séparant les homoduplex (fragments d'ADN double brin parfaitement appariés) des hétéroduplex (fragments d'ADN double brin présentant un ou plusieurs mésappariements). Elle met en œuvre une chromatographie en phase inversée avec couplage d'ions. L'affinité différentielle des homoduplex et des hétéroduplex pour la colonne permet de les séparer.

■ Phase stationnaire

Elle est constituée de billes de polystyrène divinylbenzène sur lesquelles sont greffés des groupements alkyles C18. Ces billes de 2 nm de diamètre sont contenues dans une colonne. Les molécules d'ADN interagissent avec les billes par l'intermédiaire du TEAA (tampon de la phase stationnaire) qui est une molécule amphiphile. Elle permet le pontage entre les groupements alkyles des billes (3) (pôle hydrophobe) et les charges négatives des groupements phosphates des doubles brins d'ADN (pôle hydrophile).

■ Phase mobile

Elle contient 0.1 M de triéthylamine (TEAA) et de l'acétonitrile (ACN). Le mélange de ces deux réactifs au niveau de la pompe permet de créer un gradient d'acétonitrile pendant l'analyse. L'acétonitrile est un solvant organique très hydrophobe. Il va permettre la libération de l'ADN de la phase fixe. Un gradient linéaire d'acétonitrile permet d'éluer à des temps différents les constituants de l'échantillon (homoduplex et hétéroduplex). Les molécules d'hétéroduplex sont éluées avant les molécules d'homoduplex car il y a moins de liaisons entre les bases.

Pour que le système puisse détecter la présence d'un mésappariement, il faut réaliser une dénaturation partielle du double brin d'ADN. Celui-ci est chauffé (55 à 65 °C), ce qui entraîne une dénaturation partielle responsable d'une modification de la structure spatiale de l'ADN. La température du four dans lequel est placée la colonne doit être déterminée au dixième de degré près selon le domaine de fusion étudié. Si celle-ci est trop élevée, les liaisons hydrogènes entre bases complémentaires sont rompues, l'ADN est alors sous forme simple brin et les mutations ne peuvent plus être détectées. Un logiciel intégré à l'appareil permet de déterminer la courbe de fusion ainsi que la température de réglage du four nécessaire à l'analyse des domaines de la séquence d'ADN.

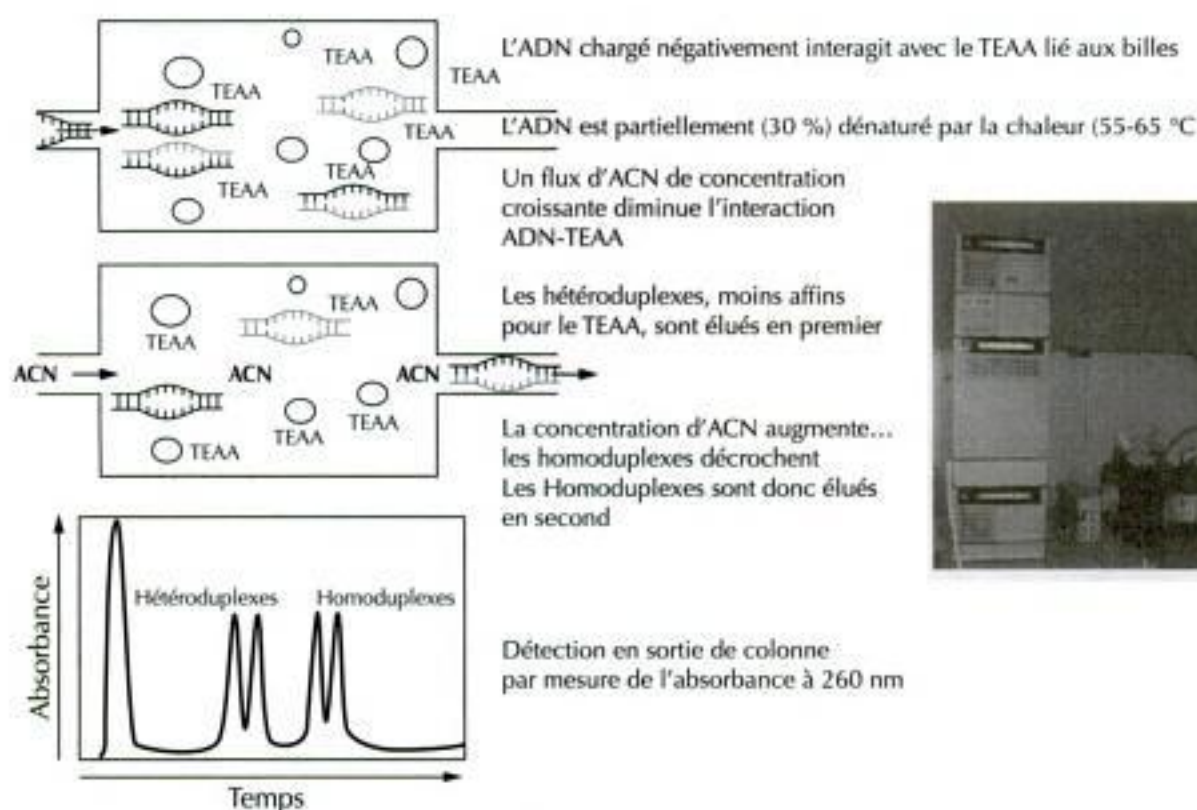


Figure 11. Principe de la DHPLC

c) Séquençage

C'est actuellement la méthode la plus sûre puisqu'elle ne laisse théoriquement passer aucune anomalie. L'avancement du clonage total du génome humain associé au développement de techniques de séquençage de plus en plus performantes fait que cette technique devrait à terme supplanter toutes les autres techniques, en routine dans les laboratoires de biologie moléculaire, pour dépister des mutations. Les techniques de base sont actuellement fondées sur la mise en œuvre de procédures électrophorétiques utilisant des gels de polyacrylamide à haute résolution de séparation en conditions dénaturantes.

La détermination de la séquence d'un fragment donné consiste à générer tous les fragments se terminant par un A, T, G ou C suivant quatre réactions enzymatiques ou chimiques différentes. Les produits de ces quatre réactions sont ensuite déposés sur le gel dans des pistes adjacentes. La visualisation pourra se faire grâce à l'utilisation de fragments marqués radioactivement ou de manière fluorescente.

■ Technique chimique selon Maxam et Gilbert

Cette méthode consiste à modifier chimiquement et spécifiquement les bases d'ADN grâce à l'hydrazine, le diméthylsulfate et l'acide formique. La pipéridine est ensuite ajoutée au milieu réactionnel pour catalyser le clivage des bases modifiées : G avec DMS, G + A avec l'acide formique, T + C avec l'hydrazine et C avec hydrazine + NaCl. La séquence sera alors déduite des quatre réactions. Une amélioration de la technique de Maxam, appelée « séquençage multiplex », permet d'analyser quarante séquences différentes sur un seul gel de séquence. Ce type de technique est aujourd'hui tombé en désuétude.

■ Technique enzymatique selon Sanger

Cette méthode utilise une ADN polymérase capable de synthétiser le brin complémentaire d'un fragment d'ADN matrice. Cette polymérase va utiliser des 2'-3' didésoxynucléosides triphosphate (ddNTP) comme substrat. Le processus d'élongation débute en 5' à l'aide d'une amorce spécifique hybridée au brin matrice. Pour générer les différentes pistes, seul un des quatre ddNTP est incorporé successivement dans quatre milieux réactionnels différents. Lorsqu'un ddNTP est incorporé à l'extrémité 3', l'élongation est bloquée. Les produits de chaque réaction se terminant par ddATP, ddTTP, ddGTP ou par ddCTP sont fractionnés et déposés sur gel. À l'origine, ces deux techniques ne peuvent fonctionner qu'avec de l'ADN simple brin. Le plus souvent, afin d'avoir des séquençages de qualité, les deux brins à séquencer sont séparés et un monobrin est sous-cloné dans un phage monobrin. Aujourd'hui, avec l'amélioration des techniques, il est possible de se passer de sous-clonage et de séquencer directement les produits de PCR, par exemple.

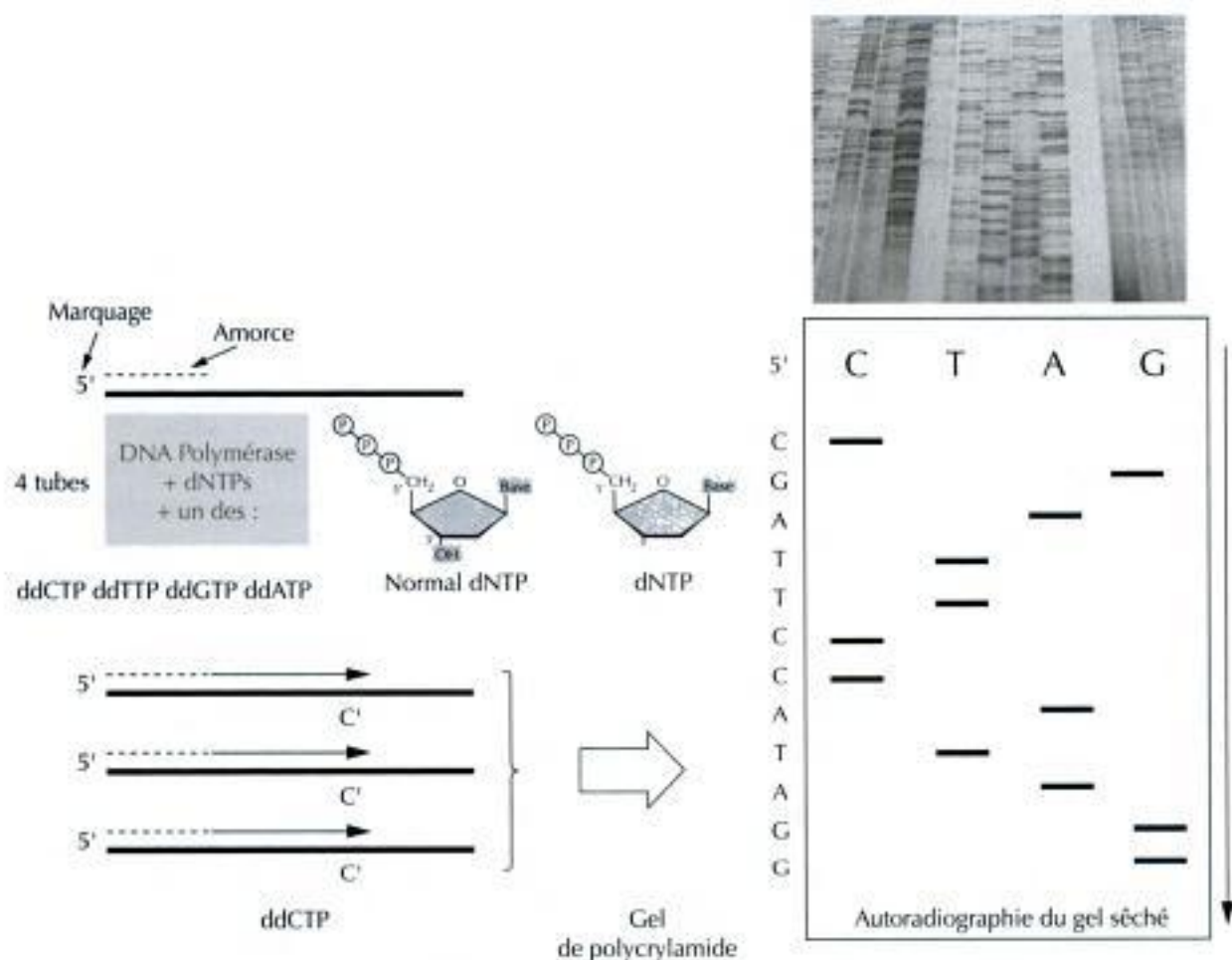


Figure 12. Technique de séquençage selon Sanger

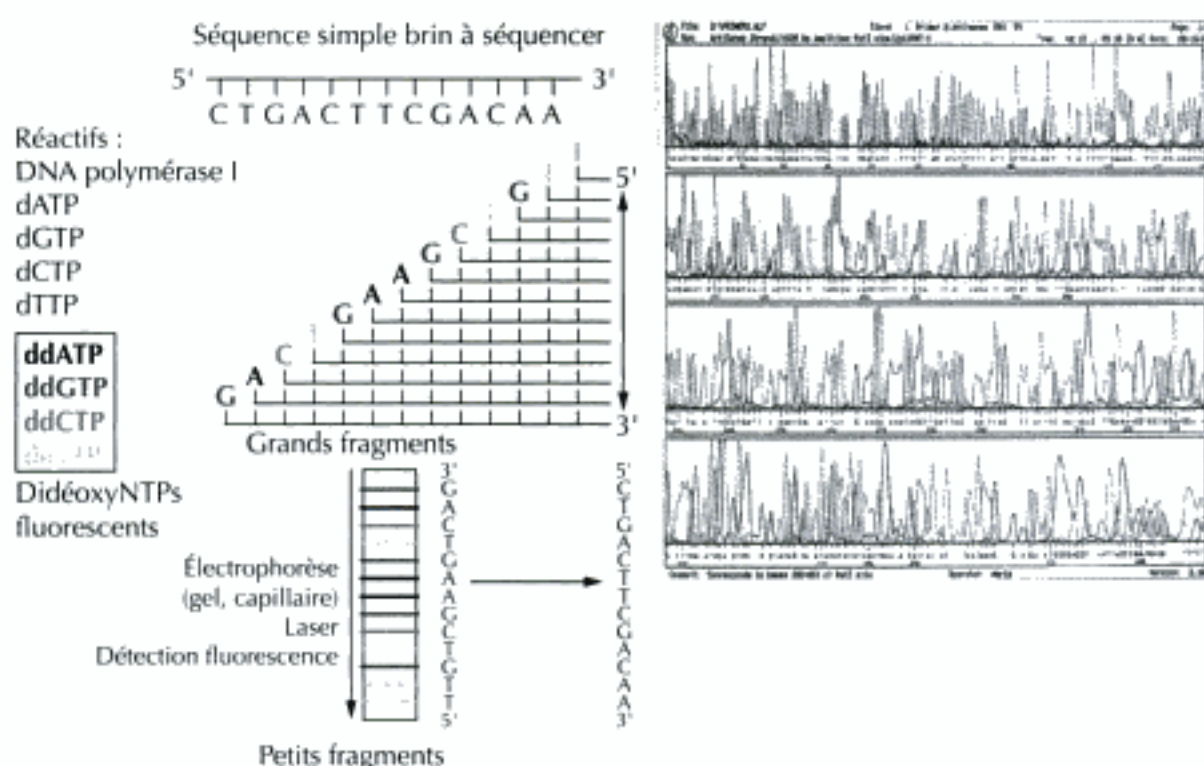


Figure 13. Séquençage automatisé haut débit

■ Nouvelles technologies

Les gros besoins en séquences des projets de séquençage de génomes entiers pour établir les cartes génétiques des différents chromosomes ont permis à la technologie de séquençage de progresser très rapidement. Le plus petit des chromosomes (chromosome Y) contenant 50 mégabases, le plus grand (chromosome 1) au-delà de 250 Mb, il était donc indispensable de se doter de techniques performantes et peu coûteuses (100 000 bases/jour, moins de 0,30 euro la base) pour séquencer de si grands fragments.

Les méthodes de seconde génération, seules utilisées en routine aujourd'hui et toutes directement inspirées de la technique de Sanger, permettent de gagner un facteur 10 en vitesse et de baisser significativement les coûts. Ce sont des technologies utilisant principalement des techniques électrophorétiques en capillaire à haut voltage (96 capillaires peuvent fonctionner en parallèle) qui augmentent la résolution de séparation des fragments, qui peuvent être couplées à des techniques de détection ultraperformantes (comme la spectroscopie ionique pour détecter des isotopes stables) et qui sont soutenues par de puissants logiciels informatiques. Les méthodes de troisième génération, qui devraient permettre d'augmenter très fortement l'efficacité, sont des techniques en développement qui tendent à se passer de gels. Elles devraient faire appel à des technologies comme :

- la cytométrie de flux avec repérage de la fluorescence émise par les bases marquées ;
- la lecture directe de la séquence en base du brin d'ADN par microscopie atomique ;
- l'analyse par spectrométrie de masse de la séquence d'ADN ;
- le séquençage par hybridation à des nucléotides marqués de séquence courte connue ;

- le pyroséquençage où l'on utilise le fait que la polymérase, lorsqu'elle allonge le brin, produit à chaque incorporation un pyrophosphate (PPi). Ce pyrophosphate est alors transformé en ATP par une ATP sulfurylase. Cet ATP produit sert à l'oxydation de la luciférine par la luciférase qui va produire des photons qui seront comptabilisés. En fonction de la base introduite, un signal est émis. Il est donc possible de repérer progressivement la nature des bases incorporées.

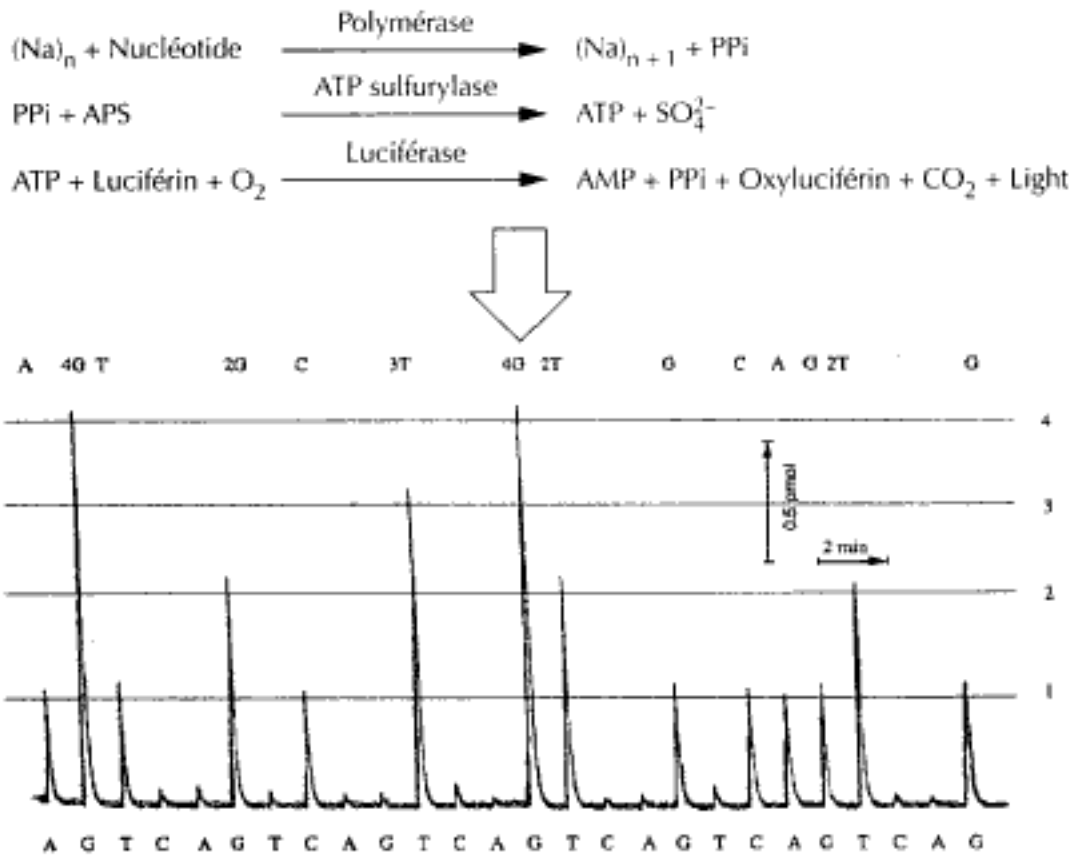


Figure 14. Pyroséquençage

3. Analyse indirecte par analyse familiale de la cotransmission de marqueurs moléculaires de l'ADN

Il arrive souvent que le diagnostic direct ne soit pas possible. Il s'agit dans ce cas d'adopter une stratégie indirecte qui suppose de disposer dans le voisinage du gène à analyser d'une ou plusieurs sondes reconnaissant un marqueur moléculaire génétique. En effet, l'ADN génomique humain est caractérisé par son polymorphisme génotypique, c'est-à-dire l'existence de variations stables capables d'être transmises à la descendance. Ces variations génotypiques expliquent en partie la grande diversité phénotypique des individus. On distingue différents polymorphismes :

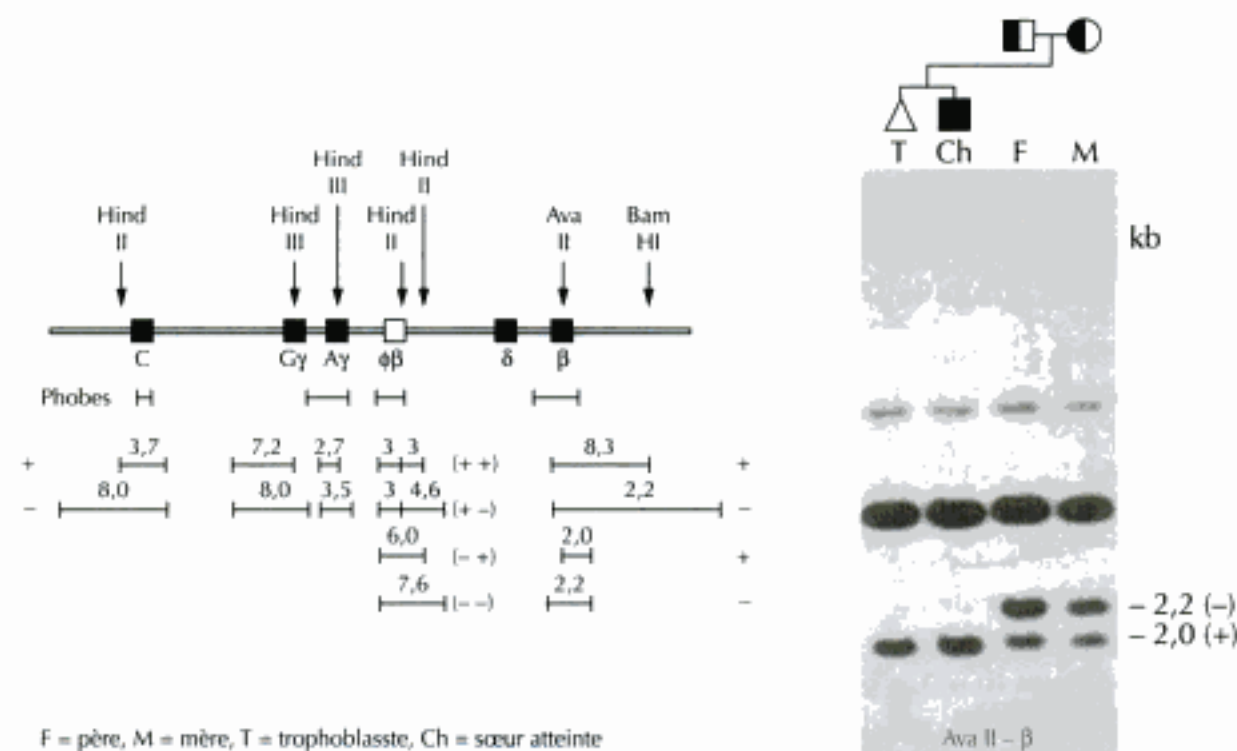
- les polymorphismes de restriction qui intéressent des variations ponctuelles de séquence touchant un site de restriction ;
- les polymorphismes de répétition qui se distinguent entre eux par le nombre de copies de séquences répétées :
 - si le motif de base est supérieur à dix nucléotides, ces séquences sont appelées « minisatellites » ou « VNTR » (*variable number of tandem repeats*) ;
 - si le motif de base est compris entre un et cinq nucléotides, elles sont appelées « microsatellites » ou « STR » (*short tandem repeats*).

Les principales applications concernent :

- le diagnostic des anomalies de l'ADN constitutionnel responsables de maladies héréditaires (diagnostic prénatal, détection des hétérozygotes) ;
- le diagnostic des anomalies de l'ADN somatique responsables de prolifération cellulaire monoclonale maligne.

a) Polymorphismes de restriction (restriction fragment length polymorphism, RFLP)

De nombreux sites de restriction jalonnent les molécules d'ADN génomique. Certains d'entre eux sont invariants ou permanents (quel que soit l'individu étudié), d'autres sont facultatifs ou occasionnels. Ces sites occasionnels sont appelés « RFLP » parce qu'ils vont induire à l'endroit du génome où ils résident (locus) un polymorphisme de longueur des fragments de restriction. Bien entendu, les RFLP peuvent se trouver soit dans des régions codantes du génome, soit dans des parties introniques ou non codantes. Ils n'ont en eux-mêmes aucune signification fonctionnelle. Un RFLP possède toutes les caractéristiques d'un gène. Il présente un locus, l'existence de deux formes alléliques (présence + ou absence -) et la ségrégation à la méiose (50 % de gamètes + et 50 % de gamètes - pour un individu +/-). L'étude des RFLP a été initialement réalisée par Southern blot avec des sondes ADNc (exoniques ou juxta-exoniques) puis ADNg (exoniques, introniques, extra-géniques). Elle est maintenant réalisée par séquençage des produits de PCR obtenus à l'aide d'amorces flanquant le site de restriction à étudier.



F = père, M = mère, T = trophoblaste, Ch = sœur atteinte. Alors que les deux parents apparaissent clairement hétérozygotes, le trophoblaste analysé révèle que le fœtus à tester est porteur du même génotype que sa sœur malade.

Figure 15. Diagnostic prénatal de la β -thalassémie utilisant un RFLP $AvaII$

b) Mini- et microsatellites

La recherche systématique de polymorphismes moléculaires de l'ADN a abouti à la découverte de polymorphismes de type minisatellites et de type microsatellites. Il s'agit donc de motifs nucléotidiques (deux à quelques paires de bases) répétés en tandem n fois, n étant un entier plus ou moins grand. Il y aura donc, par digestion d'une enzyme de restriction à deux sites invariants bornant cette séquence, autant de fragments de tailles différentes qu'il y a de valeurs n possibles de la répétition d'un individu à l'autre.

Le nombre élevé de génotypes possibles rend peu probable la possibilité que deux individus soient porteurs du même génotype. Les plus nombreuses et les plus utilisées des répétitions sont les répétitions CA ou TA.

C'est ce type de méthode qui est utilisée pour diagnostiquer la maladie du X-fragile (expansion de triplet (CAG) n dans le promoteur du gène FMR1) et la dystrophie myotonique (expansion de triplet (CTG) n dans le gène codant pour la myotonine protéine kinase).

B. Analyse de l'ARN messenger

Contrairement à l'analyse de l'ADN génomique, celle qui concerne l'ARNm est largement plus délicate. En effet, l'ARNm présente :

- une grande vulnérabilité vis-à-vis des RNases, enzymes ubiquitaires et difficiles à inactiver complètement ;
- une grande complexité et une spécialisation cellulaire stricte ;
- une très faible abondance pour certains d'entre eux.

Compte tenu de l'expression variable des ARN messagers selon les tissus (sauf pour les gènes dits « domestiques » qui présentent une expression ubiquitaire dans tous les tissus), les analyses vont donc s'avérer conditionnées par la spécificité tissulaire. Il conviendra donc de choisir avec soin le tissu source. Il existe cependant une transcription illégitime qui correspond à la transcription à bas bruit de gènes, théoriquement tissus-spécifiques, dans toutes les cellules. Cette transcription est accessible par l'analyse par PCR.

La plupart du temps, l'analyse des ARN se borne à une analyse des ARN totaux. Il s'avère parfois intéressant de pratiquer un enrichissement en ARN polyadénylés, afin d'analyser les ARN réellement codants. Les principales méthodes d'analyse qualitative des ARN sont les suivantes :

1. Northern blot

La méthode de *Northern* (par opposition humoristique au *Southern blot*, appelé ainsi par le biologiste Edwin Southern qui a aussi inspiré le nom « *Western blot* » qui fait référence aux séquences en acides aminés des protéines) comprend une première étape de séparation des ARN par électrophorèse en gel d'agarose dénaturant pour abolir la structure secondaire qui pourrait gêner la migration et l'hybridation. Ensuite, les ARN sont transférés sur filtre et hybridés avec une sonde marquée. L'inconvénient principal de cette méthode est son manque de sensibilité, mais cette technique permet :

- d'objectiver la présence d'un ARN ;
- d'explorer les intermédiaires de maturation de cet ARN ;

dans des conditions telles que seuls les hybrides ADN-RNA se forment. Le RNA messenger correspondant au gène s'hybride avec les parties codantes de l'ADN génomique, les parties non codantes restant sous forme monobrin.

On utilise alors la propriété de certaines enzymes qui ne clivent que les séquences d'acides nucléiques monocaténaire. Un mésappariement, même partiel, crée une zone vulnérable vis-à-vis de ces enzymes. Leur action se manifeste par un raccourcissement de la sonde marquée, visualisée par migration dans un gel dénaturant. La nucléase S1 clive seulement les séquences non appariées sur plus de trois nucléotides. Pour apprécier des mésappariements plus petits, on utilisera la RNase A qui peut révéler certains mésappariements d'une seule base. Ce type de méthodologie est également utilisé pour mettre en évidence aussi bien des messagers minoritaires que pour en déterminer l'extrémité 5'.

3. Reverse transcriptase-PCR (RT-PCR)

La Taq polymérase ne pouvant utiliser l'ARN comme matrice, il est nécessaire de réaliser une étape intermédiaire où l'ARN est transformé en ADN complémentaire (ADNc) utilisable comme substrat de la Taq polymérase.

On réalise donc une transcription inverse du brin d'ARN en utilisant une ADN polymérase ARN dépendante (la transcriptase inverse) et des amorces (soit de l'oligo-dT se fixant sur la queue de poly A, soit un mélange d'hexanucléotides synthétisés au hasard, soit l'amorce en position 3' utilisée pour la PCR où, dans ce dernier cas, seul l'ARN d'intérêt est synthétisé). L'ADN complémentaire servira alors de matrice pour l'amplification en PCR.

Cette technique permet l'amplification considérable des ARN messagers et l'analyse complète de leur séquence (les produits de PCR peuvent en effet être facilement séquencés).

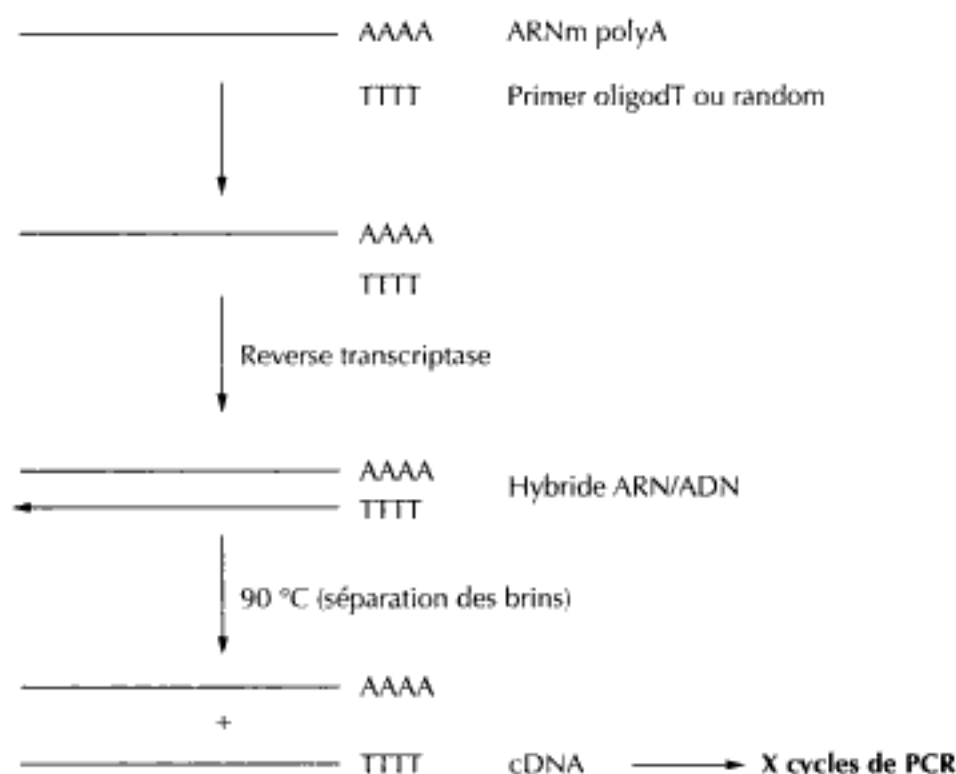


Figure 18. Préparation d'un ADN complémentaire à partir d'un ARN

III. Analyse quantitative de l'expression des gènes

Au niveau de l'ADN, on s'intéressera surtout à l'analyse quantitative de l'expression génique pour apprécier l'intensité d'une variation de séquence (le plus souvent une délétion ou une amplification). En estimant le nombre de copies amplifiées d'un gène par rapport à un témoin, il est possible d'apprécier une diminution ou une amplification du signal. Les délétions complètes homo- ou hémizygotes se traduiront par l'absence totale de signal. En revanche, les délétions complètes hétérozygotes seront plus difficiles à interpréter et le recours à un dosage génique sera indispensable. Pour les gènes autosomiques uniques, ce dosage génique doit en principe varier de 50 % par copie haploïde délétée.

Pour l'ARN, on cherchera surtout à quantifier la présence d'ARN dans différents milieux (sang, etc.) ou tissus. Ce type de technique est très employé en cancérologie pour suivre la maladie résiduelle après traitement ou avec la survenue de récurrence (par exemple, quantification des transcrits bcr-abl dans la leucémie myéloïde chronique). Les principales techniques de mesure sont les suivantes :

A. Dot blot, slot blot

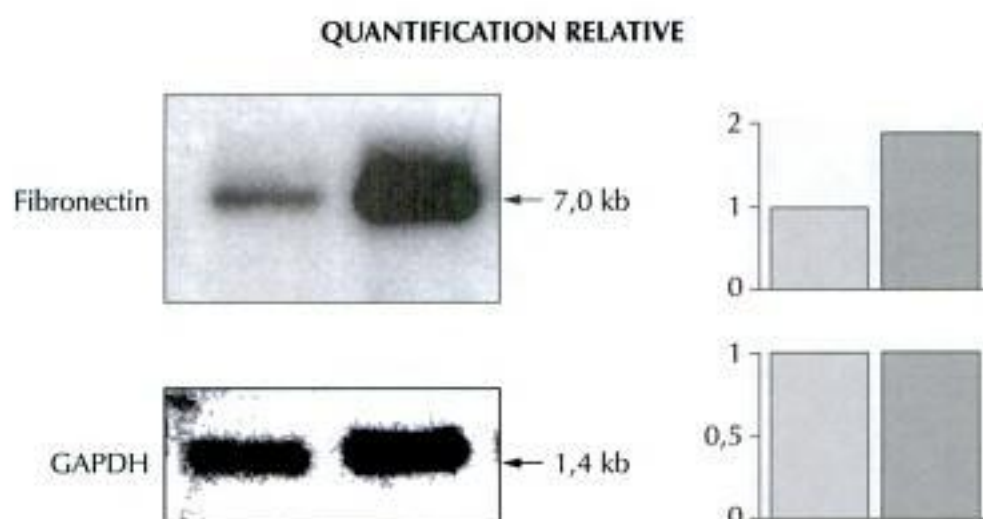
L'hybridation sur tache (dot blot, slot blot) permet d'apprécier la présence et aussi la quantité d'un acide nucléique (ADN, ARN). Elle n'est valable que si la sonde utilisée est unique et donc si aucune hybridation croisée ne vient interférer avec le résultat final.

Les ARN sont fixés sur membrane et celle-ci est hybridée avec une sonde complémentaire monobrin marquée [pour l'ADN, sonde ADN ou oligonucléotidique ; pour l'ARN, sonde d'ADN dénaturé (cDNA) ou oligonucléotide antisens ou ARN antisens].

L'intensité du signal est mesurée par analyse densitométrique du signal autoradiographique. Cette intensité pour le gène considéré est généralement comparée à une gamme d'étalonnage. Il est donc possible de connaître précisément le nombre de copies du gène présent dans l'échantillon.

B. Southern blot, Northern blot

Ces deux techniques peuvent, au même titre que le dot blot, permettre de quantifier les fractions objectivées lors de l'autoradiographie. Pour les ARNm, il devient même possible de quantifier précisément les isoformes d'épissage et donc de comparer des tissus entre eux.



Le gène codant pour la GAPDH sert de référence (la GAPDH est un gène domestique ubiquitairement distribué dont le niveau d'expression est considéré constant dans les tissus).

Figure 19. Quantification des ARNm codant pour la fibronectine par Northern blot

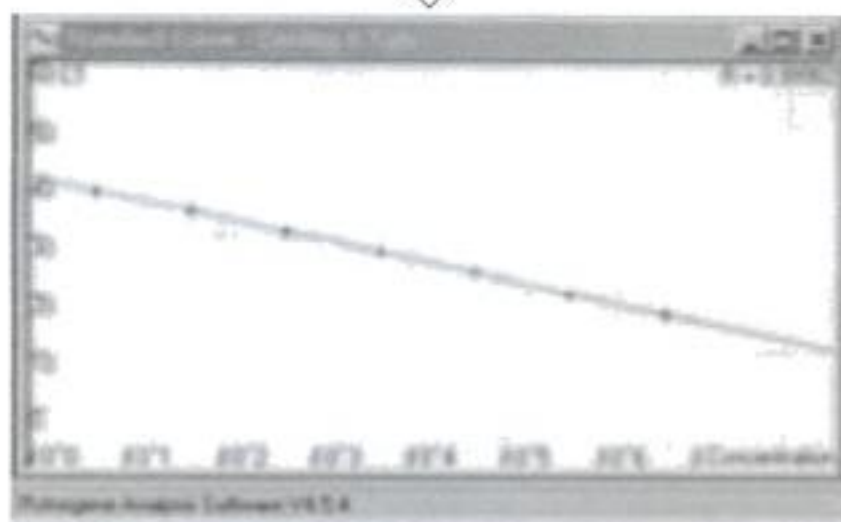
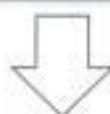
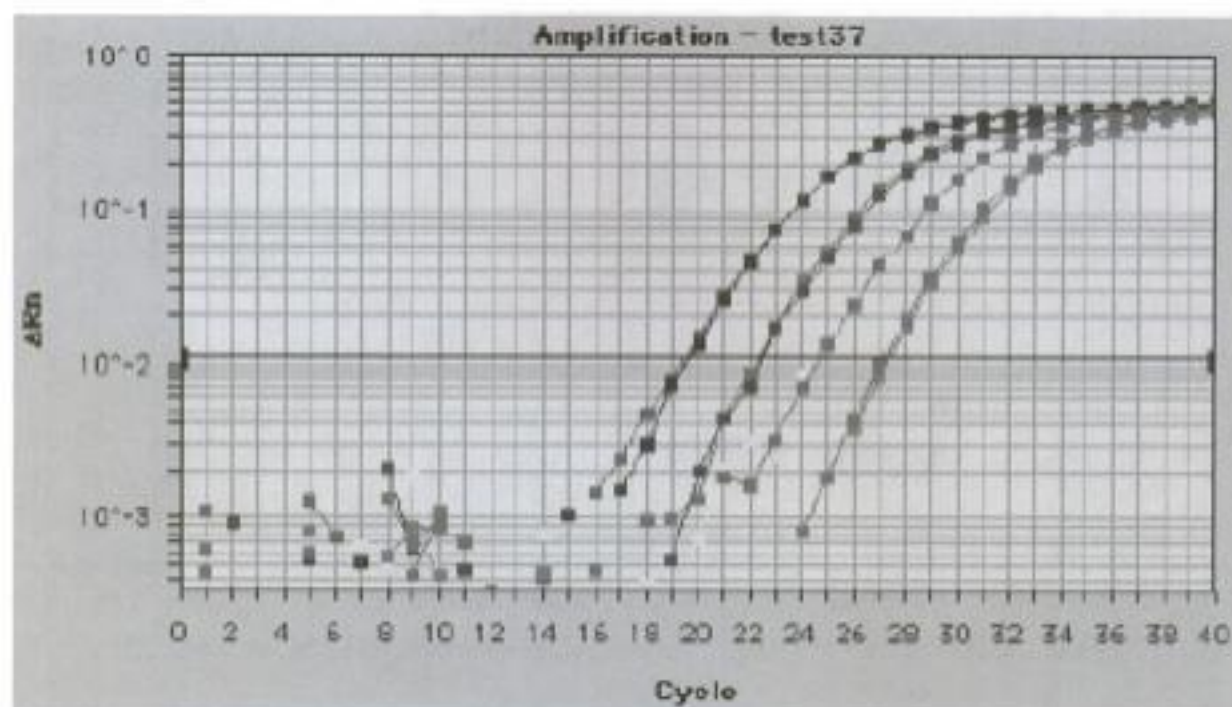
C. PCR quantitative

Théoriquement, la PCR peut permettre de mesurer le nombre de copies de la séquence cible dans un échantillon d'ADN (ou même d'ARN). En réalité, il est extrêmement difficile de réaliser cette détermination qui reste le plus souvent peu fiable et peu précise.

Les premières techniques pour optimiser la PCR quantitative conventionnelle, afin de diminuer les variations entre les tubes, ont utilisé un compétiteur interne ayant la même composition en bases mais qui est plus long ou plus court de quelques bases que la séquence à mesurer. Dans ce cas, les amorces utilisées entreront en compétition avec les deux cibles (sauvage, à doser, et modifiée, apportée en quantité connue). Après coamplification de la cible avec une gamme de compétiteur, la quantité de cible est considérée comme égale à la quantité de gène à doser lorsqu'une équivalence d'amplification entre les deux cibles sera objectivée par une bande de même intensité sur le gel. Dans tous les cas, le nombre de cycles d'amplification utilisés sera faible de manière à rester dans la phase exponentielle d'amplification.

Ces techniques compétitives se sont révélées lourdes à gérer, en particulier pour les RT-PCR quantitatives pour lesquelles il fallait disposer d'un ARN étalon modifié. Cet ARN exogène, nécessaire pour s'affranchir des variations de rendement de la rétrotranscription, est le plus souvent très instable. Il peut donc être lui-même source de variations.

L'amélioration des techniques de PCR, notamment l'avènement de techniques utilisant la fluorescence émise par une sonde pour suivre en temps réel la formation d'amplimères, a permis de disposer de techniques plus reproductibles pour quantifier les acides nucléiques.



L'utilisation de la dilution d'un standard dont les quantités sont connues permet d'établir une courbe de calibration servant de référence pour quantifier l'ARN messager dans un tissu donné.

Figure 20. PCR quantitative

IV. Cas particuliers des techniques à très haut débit

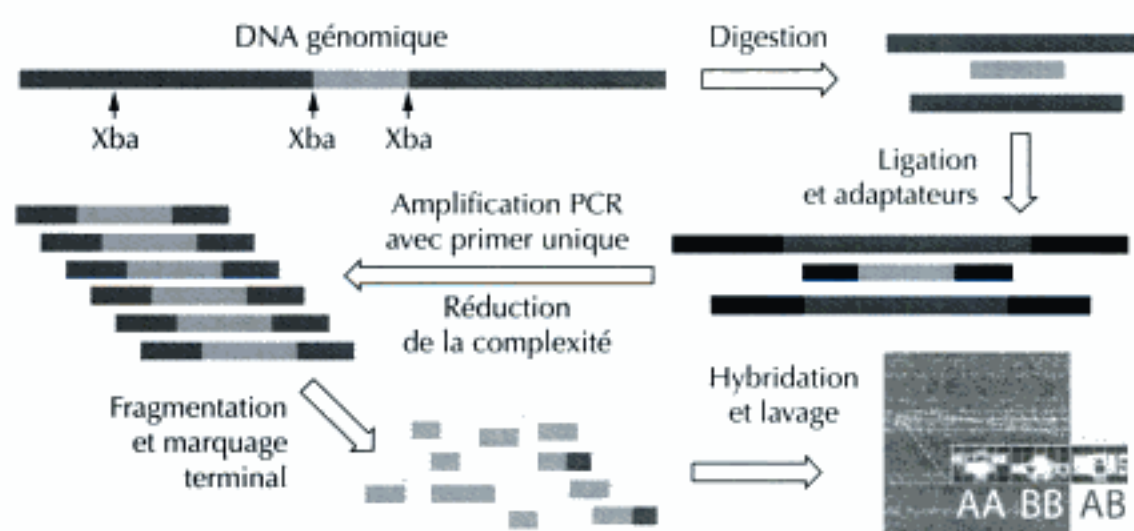
Leur objectif n'est pas de détecter de manière précise une variation de séquence ponctuelle (qu'il s'agisse d'une mutation isolée ou d'une petite délétion) mais d'analyser la globalité d'un génome (analyse de l'ADN) ou de ses produits (analyse des ARN synthétisés). Des anomalies ponctuelles peuvent apparaître dans la diversité des résultats engendrés. Le contexte clinique ou de recherche dans lequel l'analyse a été réalisée amènera à renseigner plus précisément en utilisant les techniques précédemment décrites.

Quel que soit leur objectif (ADN ou ARN), ces techniques utilisent les principes de base couramment employés pour des analyses plus précises : amplification des acides nucléiques, hybridation des acides nucléiques.

- Les objectifs d'une puce à ADN (puce à SNP, *single nucleotide polymorphism*, par exemple) sont encore du domaine de la recherche (génomique). Ils visent, dans un cadre nosologique très précis, à déterminer les variants de séquences (SNP) afin d'identifier des groupes de SNP communs à une situation particulière (trait génétique lié au BMI – *Body Mass Index* ou IMC, indice de masse corporelle –, l'aptitude à l'effort bref ou prolongé, etc.) ou à une pathologie (susceptibilité à une maladie, une infection, etc.).
- Les objectifs d'une puce à ARN consistent à évaluer précisément le répertoire d'ARN (transcriptome) exprimés par un type cellulaire, un tissu, un organe dans des conditions définies à un instant donné. Là encore, ils peuvent servir dans un cadre nosologique précis à déterminer les éléments caractéristiques d'un état donné (mise en évidence d'une réponse à une thérapie, établissement de la carte d'identité fonctionnelle d'une tumeur par rapport à celle du tissu sain, etc.).

D'immenses progrès technologiques ont été réalisés ces dernières années quant aux méthodes de génomique et de transcriptomique. Stimulées par la connaissance du génome, elles permettent d'accroître la sensibilité et la capacité de traitement. Ainsi, la possibilité d'amplifier à souhait les acides nucléiques offre une grande flexibilité et permet sans cesse de repousser les limites.

Les microarrays sont un outil qui accorde une vision globale, mais ces technologies encore très onéreuses ne sont aujourd'hui utilisées de façon courante qu'à l'occasion de vastes études visant à définir précisément une cible particulière ou une voie de signalisation montrant une importance clinique ou physiologique dans le cas étudié. Une fois cette étape de criblage effectuée, les techniques conventionnelles sont appliquées pour étudier plus finement le phénomène.



Seulement 250 ng d'ADN génomique par puce sont requis comme matériel de départ. L'ADN est digéré par une enzyme de restriction et lié à des adaptateurs. Une amorce générique reconnaissant la séquence d'adaptateurs est utilisée pour amplifier sélectivement les fragments de la PCR dans un certain intervalle de tailles. L'ADN amplifié est fragmenté, marqué et hybridé sur la puce.

Figure 21. Principe des puces à SNP

L'essentiel de la question

Les variations de séquence des acides nucléiques concernent soit l'ADN, soit l'ARN et peuvent intéresser aussi bien des grandes parties du génome que toucher une base unique à la faveur d'une mutation ponctuelle. À côté de cet aspect purement qualitatif, l'amplification de certains gènes, à l'origine de différents processus néoplasiques, devra être appréciée à l'aide de techniques quantitatives. Les techniques à mettre en œuvre vont donc devoir répondre à ces différents aspects exploratoires. Toutes sont fondées sur deux propriétés des acides nucléiques :

- l'hybridation, c'est-à-dire la capacité qu'ont deux séquences complémentaires de s'associer spécifiquement entre elles ;
- la réplication, c'est-à-dire la propriété que possède l'ADN de pouvoir être dupliqué, une molécule d'ADN engendrant sous l'action de polymérases deux molécules filles rigoureusement identiques à la molécule de départ.

La première propriété a servi de base à des méthodes historiques comme le Southern blot pour l'ADN et le Northern blot pour l'ARN. La seconde est le fondement de toutes les techniques d'amplification élective *in vitro* (PCR pour l'ADN, RT-PCR pour l'ARN).

L'utilisation des techniques d'amplification a révolutionné l'analyse des acides nucléiques puisqu'il devient possible à partir d'un petit échantillon biologique d'amplifier exponentiellement la partie à analyser, pour peu que celle-ci soit connue. Couplées à des méthodes de séquençage de plus en plus fiables, performantes et peu coûteuses, il devient possible de séquencer base après base de très grandes parties du génome. Cette approche permet non seulement d'analyser des altérations portant sur des gènes bien identifiés, mais aussi de découvrir d'autres gènes qui sont autant de cibles pour des maladies génétiques constitutionnelles ou somatiques.

Pour en savoir plus

- Kaplan J.C., Delpech M. *Biologie moléculaire et médecine*. Paris, Flammarion Médecine-Sciences, 1993.
- Maniatis T., Sambrook J., Fritsch E.F. *Molecular biology, a laboratory manual*, 2^e éd. Plymouth (Royaume-Uni) Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1991.
- Ameziane N., Bogard M., Lamoril J. *Principes de biologie moléculaire en biologie clinique*. Paris, Elsevier, « Campus référence », 2006
- Sites Internet dédiés aux techniques de biologie moléculaire :
- <http://www.protocol-online.net/molbio/PCR>
- <http://www.ornl.gov/TechResources/Human-Genome/publicat/primer>
- <http://www.pasteur.fr/recherche/BNB/>
- Et bien d'autres à découvrir...

Régulation de l'expression des gènes codant les protéines

B. PARFAIT, D. VIDAUD

Inserm U745, Génétique et biothérapie des maladies dégénératives et prolifératives du système nerveux, Faculté des sciences pharmaceutiques et biologiques, Université René-Descartes, Paris.

- I. Rappel sur la structure d'un gène**
- II. Différents niveaux de régulation de l'expression des gènes**
- III. Environnement chromatinien des gènes actifs**
 - A. Structure de la chromatine
 - B. Acétylation des histones
 - C. Régulation par modification de la structure primaire de l'ADN : méthylation
 - D. Reconfiguration de l'ADN
- IV. Régulation de la transcription**
 - A. Régulation en « cis »
 - B. Régulation en « trans »
 - C. Choix de promoteur : promoteurs alternatifs
- V. Régulation post-transcriptionnelle**
 - A. Épissage alternatif
 - B. Sites de polyadénylation multiples
 - C. RNA editing
 - D. Stabilité des ARNm
- VI. Régulation post-traductionnelle**
 - A. Acquisition de la structure tertiaire
 - B. Clivage protéolytique
 - C. Modifications chimiques

Certains gènes sont exprimés dans pratiquement tous les types de cellules car ils constituent un élément clé requis pour le fonctionnement général de la cellule comme la synthèse protéique, la production d'énergie... De tels gènes sont appelés « gènes de ménage » (*housekeeping genes*). En revanche, de nombreux gènes présentent des profils d'expression tissu-spécifiques. Certains gènes ne sont exprimés que dans un type de cellule en fonction des besoins, par exemple, le gène *HBB* codant la β -globine n'est exprimé que dans les cellules érythroïdes.

L'expression des gènes peut également être restreinte dans le temps, par exemple à une certaine étape du développement, à certains stades de la différenciation cellulaire, du cycle cellulaire. L'expression d'un gène peut aussi être induite par des signaux extracellulaires ou différents facteurs de l'environnement.

Différents mécanismes impliqués dans la régulation de l'expression des gènes sont présentés dans cet exposé.

I. Rappel sur la structure d'un gène

Il n'existe pas de structure définie d'un gène mais la figure 1 est le modèle le plus fréquent. Le gène commence en 5' par une séquence non transcrite, dont la présence est nécessaire pour que la transcription s'effectue quantitativement et qualitativement de manière normale. Ces séquences peuvent être très éloignées. Vers -100 par rapport au site d'initiation de la transcription, commence la région promotrice où se fixe l'ARN polymérase II. Vers -70 à -80 se trouve très souvent une séquence CAAT où se fixent des facteurs protéiques de transcription. Vers -30, on retrouve (sauf pour les gènes de ménage à expression ubiquitaire) la TATA box où se fixe le complexe TFII D interagissant avec d'autres facteurs de transcription et l'ARN polymérase II. Si elle est déletée, le taux de transcription est diminué et la fidélité du point d'initiation de la transcription est perdue. Vient ensuite le site d'initiation de

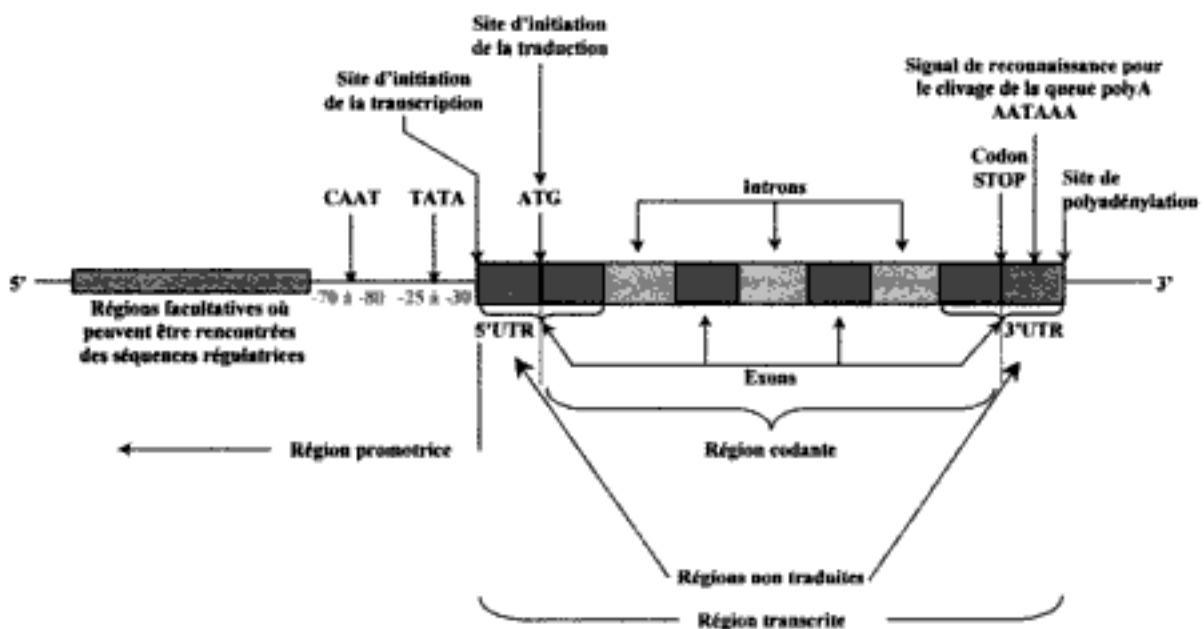


Figure 1. Schéma général d'un gène codant pour une protéine

la transcription suivi d'une partie non codante (5' UTR, *UnTranslated Region*) de longueur variable et ce jusqu'à la séquence ATG, codon méthionine d'initiation de la traduction, localisé au sein de la séquence consensus de Kozak ccnccATGG (avec $n = a, c, g$ ou t). Suivent ensuite une alternance de séquences présentes (exons) ou non (introns) dans l'ARNm cytosolique. Le signal d'arrêt de la traduction est donné par un codon STOP (UAA, UGA, UAG). Enfin, 10 à 20 pb avant la fin du dernier exon est retrouvé le site de reconnaissance pour le clivage de la queue polyA, AATAAA.

Les limites des gènes sont relativement imprécises et les tailles des gènes sont très variables, pouvant dépasser deux millions de pb, souvent sans relation avec la taille de la protéine exprimée.

II. Différents niveaux de régulation de l'expression des gènes

Il existe plusieurs niveaux de régulation de l'expression des gènes : chromatinien, transcriptionnel, post-transcriptionnel, traductionnel et post-traductionnel (fig. 2).

III. Environnement chromatinien des gènes actifs

A. Structure de la chromatine

La chromatine est constituée essentiellement de l'ADN du génome complexé à des protéines basiques, les histones. L'unité structurale responsable de la condensation de la chromatine est le nucléosome résultant de l'enroulement de la double hélice de l'ADN autour d'un octamère d'histones (H2A, H2B, H3, H4). Une cinquième histone, l'histone H1, vient sceller les nucléosomes. Au-delà du nucléosome, les niveaux supérieurs de condensation de la chromatine résultent de la propension des nucléosomes à s'empiler régulièrement les uns sur les autres et au rôle structurant, reliant de l'histone H1 dans ces empilements. La fibre chromatinienne de 30 nm constituerait le premier niveau de condensation.

La chromatine du noyau interphasique est constituée de zones d'ombre et de zones claires correspondant respectivement à l'hétérochromatine et à l'euchromatine. L'hétérochromatine périphérique, forme très condensée de chromatine, est dépourvue de gènes actifs. L'euchromatine, forme beaucoup moins condensée, correspond à la fibre chromatinienne de 30 nm et contient les gènes actifs. Sa forme ouverte rend accessibles des protéines impliquées dans l'expression de ces gènes.

Il est possible de mettre en évidence des zones d'accessibilité préférentielle de la chromatine liées à son état de condensation. Ces zones sont appelées « sites sensibles » ou « hypersensibles ». Les sites sensibles correspondent à des gènes

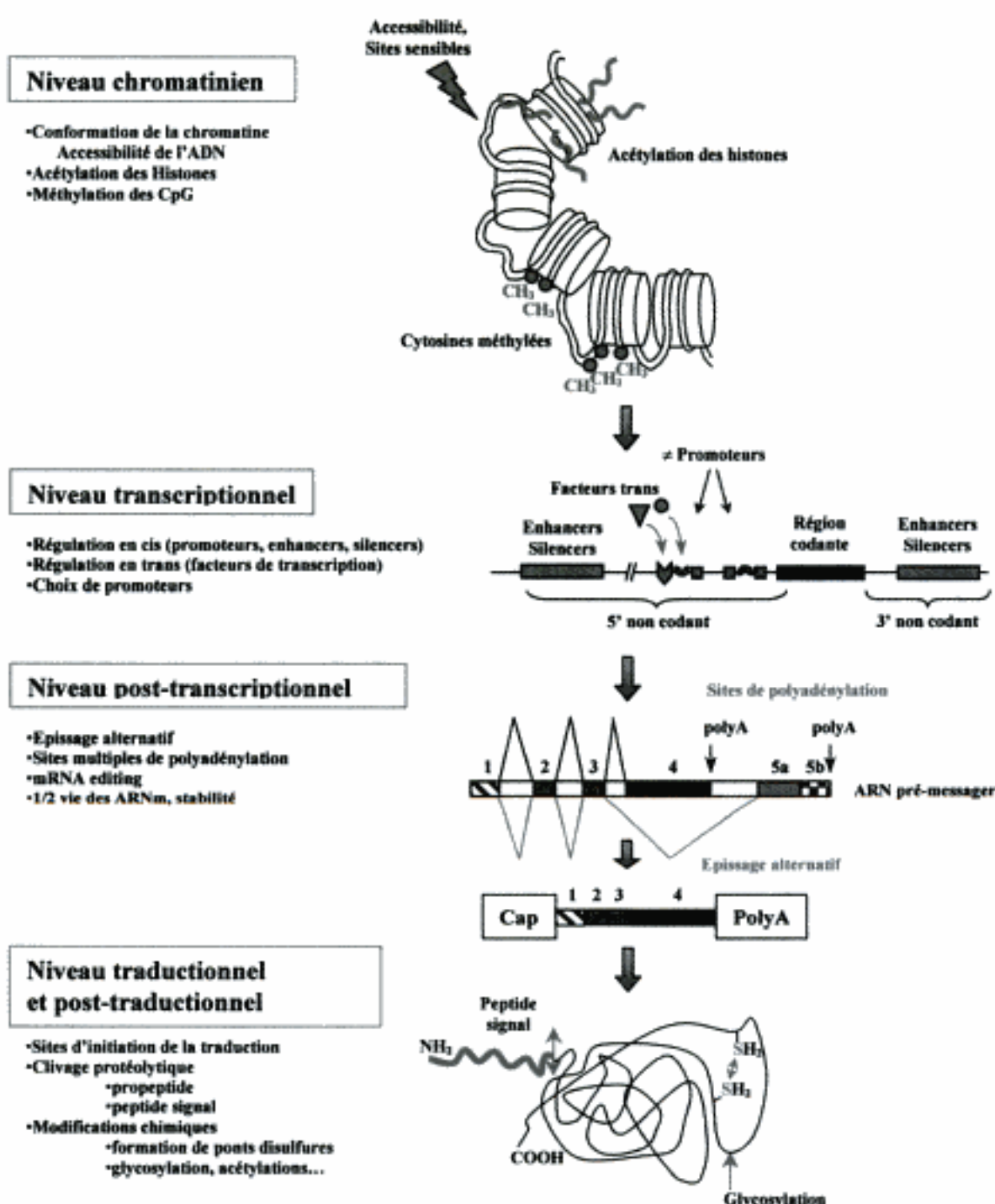


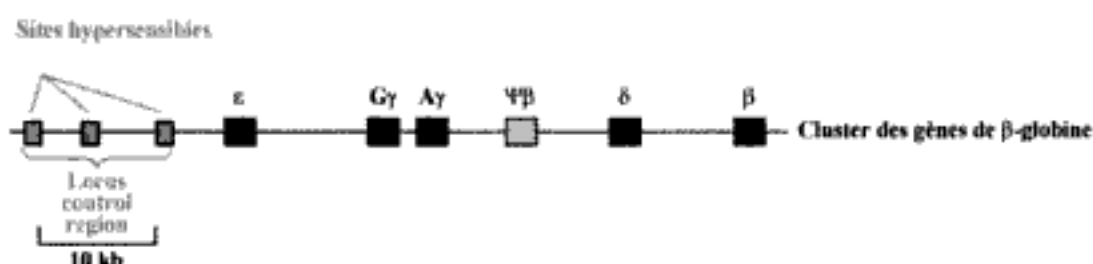
Figure 2. Schéma récapitulatif des différents niveaux de régulation de l'expression d'un gène

actifs se trouvant dans une conformation chromatinienne particulière qui les rend accessibles à un certain nombre de protéines comme l'ARN polymérase ou des protéines régulatrices de la transcription. Les sites hypersensibles correspondent aux gènes très activement transcrits.

La formation et le maintien d'un domaine chromatinien ouvert permettant l'accès de protéines régulatrices peuvent être réalisés par des séquences appelées LCR (*locus control region*). Les premiers LCR ont été découverts grâce à l'étude des gènes de la β -globine humaine. Aujourd'hui, on pense qu'ils sont impliqués dans l'expression de nombreux gènes actifs lors du développement.

Le LCR de la β -globine contient au moins trois séquences d'environ 200-300 pb correspondant à des sites de reconnaissance de protéines se liant à l'ADN (fig. 3). Ces protéines contrôlèrent la structure de la chromatine au sein du domaine fonctionnel. En l'absence de LCR (HS2, HS3 et HS4), l'expression des gènes de β -globine est négligeable.

D'autres sites hypersensibles ont été identifiés au niveau du promoteur de chacun des gènes de globine. Dans le foie fœtal, les promoteurs des deux gènes γ , des gènes β et δ présentent un site hypersensible. Dans la moelle osseuse de l'adulte, les sites hypersensibles localisés dans les promoteurs des deux gènes γ sont absents et la transcription de ces gènes est inexistante.



Trois sites hypersensibles sont localisés 20 kb en amont du cluster β -globine. Ces trois sites marquent l'emplacement du LCR (*locus control region*). Des sites hypersensibles supplémentaires sont retrouvés en amont de chacun des gènes à l'endroit de fixation de l'ARN polymérase. Ces sites hypersensibles ne sont retrouvés qu'à un moment particulier du développement, lorsque le gène adjacent est actif.

Figure 3. Représentation du cluster β -globine

B. Acétylation des histones

Les histones peuvent subir des modifications post-traductionnelles au niveau des domaines N et C terminaux qui peuvent influencer les propriétés dynamiques des nucléosomes. L'acétylation de H3 et de H4 sur les résidus lysine relâche les contraintes appliquées par les domaines N terminaux de H3 et de H4 sur l'ADN nucléosomal. Elle semble également réduire la capacité de l'histone H1 à provoquer la condensation des nucléosomes. La chromatine présente alors une structure ouverte plus adaptée à l'expression de gènes.

En revanche, la désacétylation des histones entraîne la répression de l'expression de gènes. Les histones de l'euchromatine sont acétylées alors que les histones de l'hétérochromatine sont généralement non acétylées. Par ailleurs, une fois la transcription amorcée, l'acétylation des histones pourrait faciliter le déplacement transitoire des nucléosomes au passage de l'ARN polymérase.

C. Régulation par modification de la structure primaire de l'ADN : méthylation

Les cytosines appartenant aux doublets CpG sont méthylables par des cytosine-méthyl transférases. La méthylation des cytosines situées en particulier dans la région 5' non transcrite des gènes est associée à une diminution de leur activité

transcriptionnelle. Chez l'homme, plus de la moitié des gènes sont localisés près d'îlots CpG. Le profil de méthylation est conservé après division cellulaire, ce qui assure la conservation de l'expression ou de la non-expression d'un gène dans les cellules filles.

Il a été montré que les processus de méthylation de l'ADN et de désacétylation des histones étaient reliés.

La répression de l'expression de gènes présentant des CpG méthylées dans leur région promotrice est médiée par des protéines se liant spécifiquement aux CpG méthylés. Deux de ces protéines, MeCP1 et MeCP2 (*methylated CpG binding proteins 1 and 2*), ont été identifiées. Il a été montré que MeCP2 est essentielle lors du développement embryonnaire et fonctionne comme un répresseur de transcription. La répression de l'expression des gènes par MeCP2 met en jeu un complexe protéique composé d'histones désacétylase. Les histones alors désacétylées permettent la condensation de la chromatine. Les caractéristiques de la chromatine liées à l'activité transcriptionnelle des gènes sont résumées dans le *tableau 1*.

Tableau 1. État de condensation de la chromatine, de méthylation des CpG et d'acétylation des histones en fonction de l'activité transcriptionnelle de la région

	Transcription active	Transcription inactive
Conformation de la chromatine	Relâchée (euchromatine)	Très condensée (hétérochromatine)
Méthylation de l'ADN	ADN déméthylé en particulier niveau régions promotrices	ADN méthylé
Acétylation des histones	Histones acétylées	Histones déacétylées

D. Reconfiguration de l'ADN

L'expression de certains gènes peut nécessiter une reconfiguration de l'ADN. L'organisation et l'expression des gènes des immunoglobulines (Ig) et du récepteur des cellules T (TCR) dans les cellules B et T sont particulières et sont à l'origine de leur diversité. Les réarrangements de l'ADN aux loci Ig et TCR (recombinaison V-J ou V-D-J) ont lieu au cours de la maturation des cellules B et T.

IV. Régulation de la transcription

L'initiation de la transcription des gènes se produit par liaison de facteurs de transcription au niveau du promoteur des gènes.

Chaque gène est précédé par une série de séquences régulatrices d'amont séparées par des séquences non critiques. Ces séquences sont capables de modifier le taux de transcription des gènes auxquels elles sont associées : régulation en « cis ».

Les séquences régulatrices d'amont confèrent à un gène des potentialités de régulation (positive ou négative) assurée par des protéines qui s'y fixent et qui sont appelées des facteurs « trans ».

A. Régulation en « cis »

1. Promoteurs

La région promotrice correspond à une combinaison de petits éléments de séquence localisés en amont d'un gène dans les 200 pb qui précèdent le site d'initiation de la transcription.

La région directement en amont du site d'initiation de la transcription permet l'initiation de la transcription et l'expression constitutive du gène en dehors de tout élément de régulation supplémentaire. Des éléments de séquence sont contenus dans les 50 pb qui précèdent le site d'initiation de la transcription :

- **TATA box** (TATA(A/T)A(A/T) en général en position - 25, dans un environnement de séquences riches en GC et reconnue par la *TATA binding subunit* de TFIIID) ;
- la séquence **BRE** (TFII B *recognition element*) immédiatement en amont de la TATA box ;
- la séquence **Inr** (*initiator*) localisée au niveau du site d'initiation de la transcription ;
- la séquence **DPE** (*downstream promoter element*) localisée environ 30 pb en aval du site d'initiation de la transcription.

Entre les positions - 50 et - 200 en amont du site d'initiation de la transcription, on retrouve de nombreux sites de reconnaissance de facteurs de transcription ubiquitaires :

- **GC box**, souvent retrouvées dans les 100 pb précédant le site de transcription, site de fixation du facteur ubiquitaire Sp1 ;
- **CAAT box**, localisées en général en position - 75 et reconnues par les facteurs CTF et CBF (*CCAAT-binding transcription factor* = NF-1, *CCAAT-binding factor* = NF-Y).

Ces deux éléments permettent de moduler la transcription basale induite par le promoteur.

2. Enhancers

Il s'agit d'éléments de séquence permettant de moduler le taux de transcription. Leur fonctionnalité est indépendante de leur orientation et, jusqu'à un certain niveau, de leur distance par rapport au gène qu'ils régulent. Ces séquences régulatrices de 200-300 pb peuvent contenir des éléments de reconnaissance de facteurs ubiquitaires ou de facteurs de transcription tissus-spécifiques permettant d'envisager une expression de certaines protéines restreinte à certains tissus.

La première séquence stimulatrice (*enhancer*) de cellule eucaryote mise en évidence a été celle des immunoglobulines. Ces séquences ont en commun les propriétés suivantes :

- elles augmentent considérablement le taux de transcription du gène auquel elles sont associées ;
- leur inversion ne se traduit pas par la perte de leur effet sur la transcription mais par une diminution de leur effet ;
- elles sont localisées en 5', en 3', voire dans les introns des gènes ;
- elles gardent leur caractère activateur lorsqu'on les déplace.

Des séquences de même type mais ayant un effet inverse sur la transcription ont été caractérisées. Elles sont appelées séquences extinctrices (*silencers*).

3. Éléments de réponse (RE)

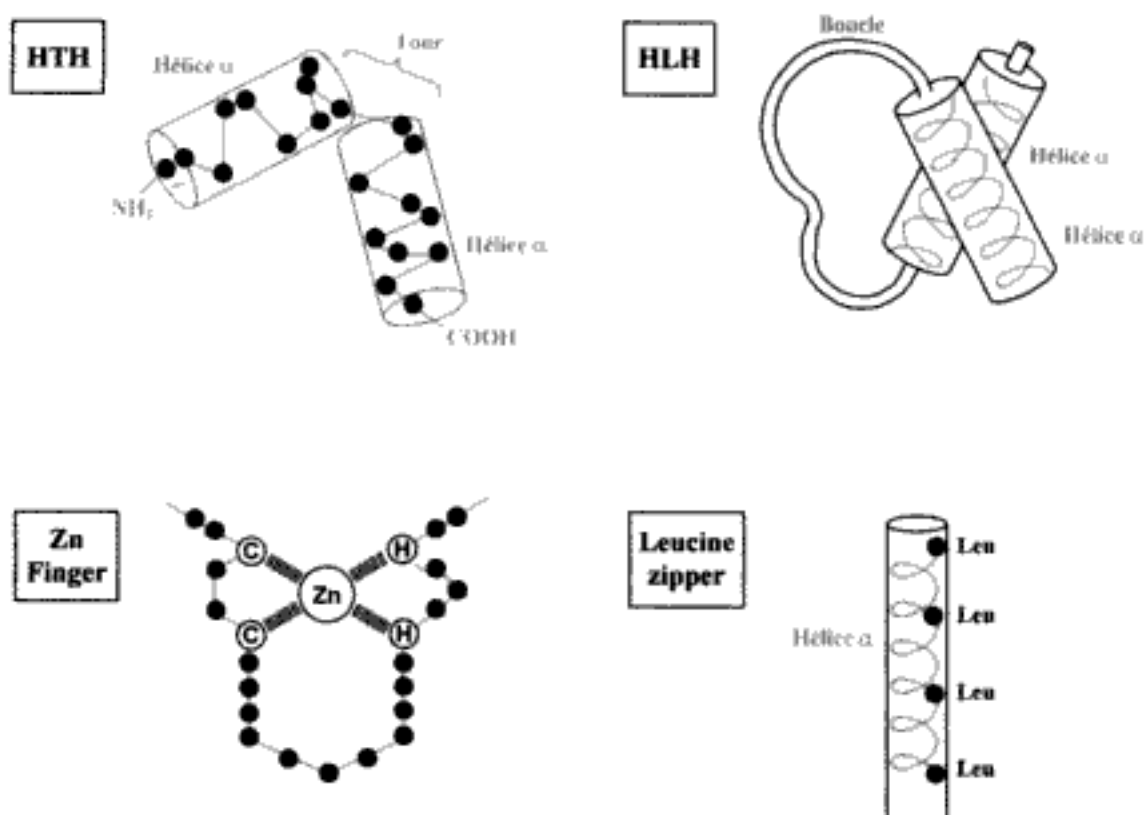
Ces éléments permettent de moduler la transcription en réponse à un stimulus extérieur spécifique. Ils sont habituellement localisés dans les 1 000 pb précédant le site d'initiation de la transcription. De nombreux éléments de réponse ont été décrits associés à l'activation de la transcription de gènes particuliers en réponse à des hormones particulières (hormones stéroïdiennes) ou à un second messenger intracellulaire comme l'AMPc.

B. Régulation en « trans »

Les facteurs de transcription présentent en général deux fonctions distinctes au sein de leur structure avec une région correspondant à un domaine d'activation et une région permettant la liaison à l'ADN.

Le domaine d'activation permet une activation de la transcription une fois le facteur fixé sur sa cible.

Le domaine de liaison à l'ADN est nécessaire à la fixation spécifique du facteur sur les gènes cibles. Un certain nombre de motifs structuraux ont été identifiés : domaines leucine zipper, hélice boucle hélice, hélice tour hélice et doigt de zinc (fig. 4). Chacun de ces motifs présente une hélice α (ou quelquefois un feuillet β) pour se lier au grand sillon de l'ADN. La plupart des facteurs de transcription se lient à l'ADN sous forme d'homodimère.



HLH, hélice boucle hélice ; HTH, hélice tour hélice ; Zn finger, doigt de zinc.

Figure 4. Motifs structuraux communs aux différents facteurs et protéines de liaison à l'ADN

Les mécanismes de régulation de la transcription en réponse à des signaux cellulaires peuvent être variés mais la finalité est toujours la même : un facteur de transcription

inactif est spécifiquement activé par une voie de signalisation et se lie ensuite à des séquences de régulations spécifiques (éléments de réponse RE) localisées dans le promoteur des gènes cibles activant par conséquent leur transcription.

L'exemple suivant concerne la transduction du signal par l'intermédiaire de l'AMPc. L'AMPc est un second messenger important qui agit en réponse à différentes hormones ou autres molécules signal. Il est synthétisé à partir de l'ATP par une enzyme membranaire, l'adénylate cyclase. Les hormones activant l'adénylate cyclase se lient à des récepteurs de la surface cellulaire appartenant à la classe des récepteurs couplés à la protéine G. La liaison de l'hormone à son récepteur induit l'interaction du récepteur à la protéine G comprenant trois sous-unités α , β et γ . À la suite de cette interaction, la sous-unité α est activée et entraîne l'activation de l'adénylate cyclase. L'augmentation résultante de l'AMPc intracellulaire peut alors activer la transcription de séquences cibles spécifiques contenant le CRE (*cAMP response element*). Cette fonction de l'AMPc est médiée par une protéine kinase A. L'AMPc se lie à la protéine kinase et l'active par libération de deux sous-unités catalytiques qui entrent alors dans le noyau et phosphorylent un facteur de transcription spécifique, CREB (*CRE binding protein*). Le CREB activé pousse alors la transcription de gènes possédant un CRE (fig. 5).

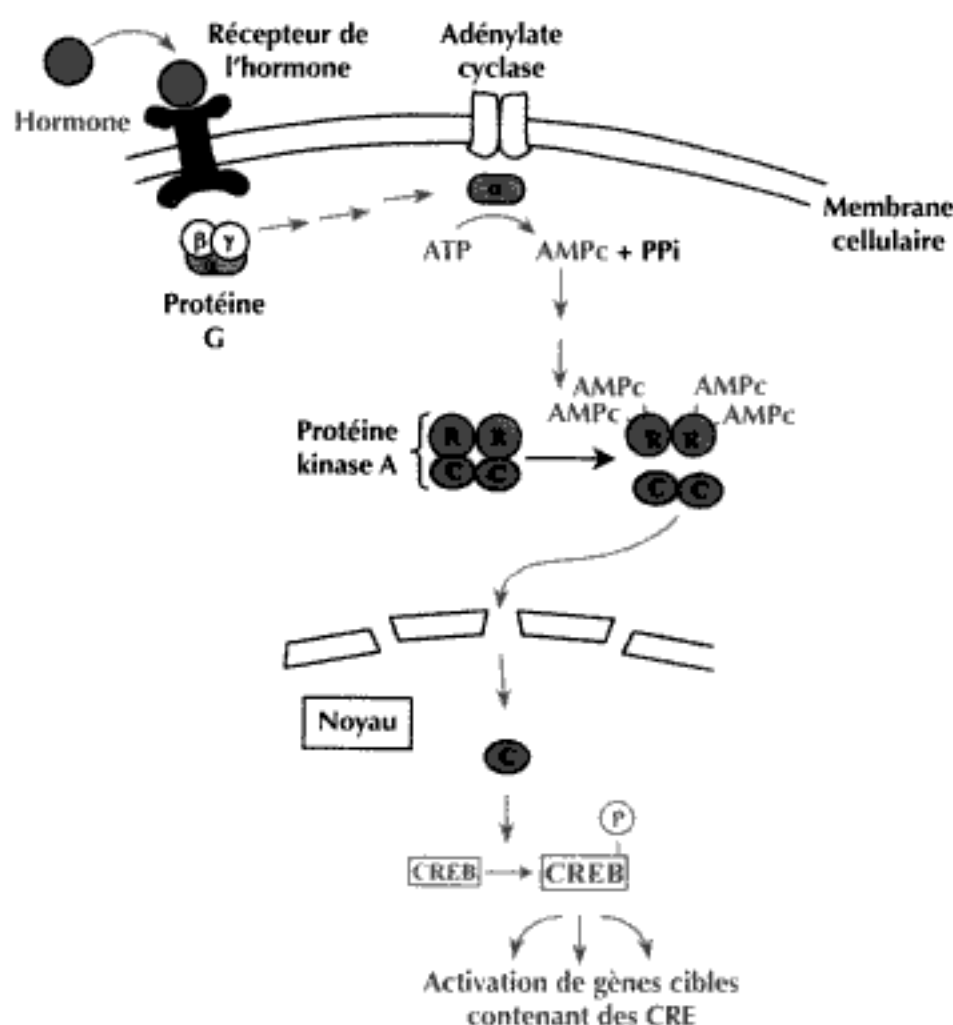


Figure 5. Activation de la protéine kinase A et translocation au noyau : signalisation hormonale par la voie de transduction du signal de l'AMPc-protéine kinase A (d'après Strachan T. et Read A.P., 1999)

C. Choix de promoteur : promoteurs alternatifs

Les exemples les plus connus d'utilisation de différents promoteurs concernent le gène de la dystrophine (plus de 79 exons distribués sur environ 2.4 Mb en Xp21). Il existe au moins huit promoteurs alternatifs utilisables. Quatre d'entre eux sont proches du site traditionnel d'initiation de la transcription et comprennent les promoteurs spécifiques à l'expression dans le cortex cérébral, le muscle, les cellules de Purkinje du cervelet, et les lymphocytes. Ces quatre promoteurs régulent la synthèse d'isoformes de 427 kDa. Quatre autres promoteurs régulent l'expression d'isoformes plus petites de 260 kDa (rétine), 140 kDa (certaines cellules du cerveau et du rein), 116 kDa (cellules de Schwann), 71 kDa (nombreux types cellulaires).

Dans le cas de ce gène, des isoformes supplémentaires résultent d'un épissage alternatif, en particulier dans la région COOH terminale de la protéine.

V. Régulation post-transcriptionnelle

Des mécanismes intervenant au niveau de la maturation de l'ARNm et de son stockage permettent de réguler qualitativement et quantitativement l'expression finale sous forme de protéine.

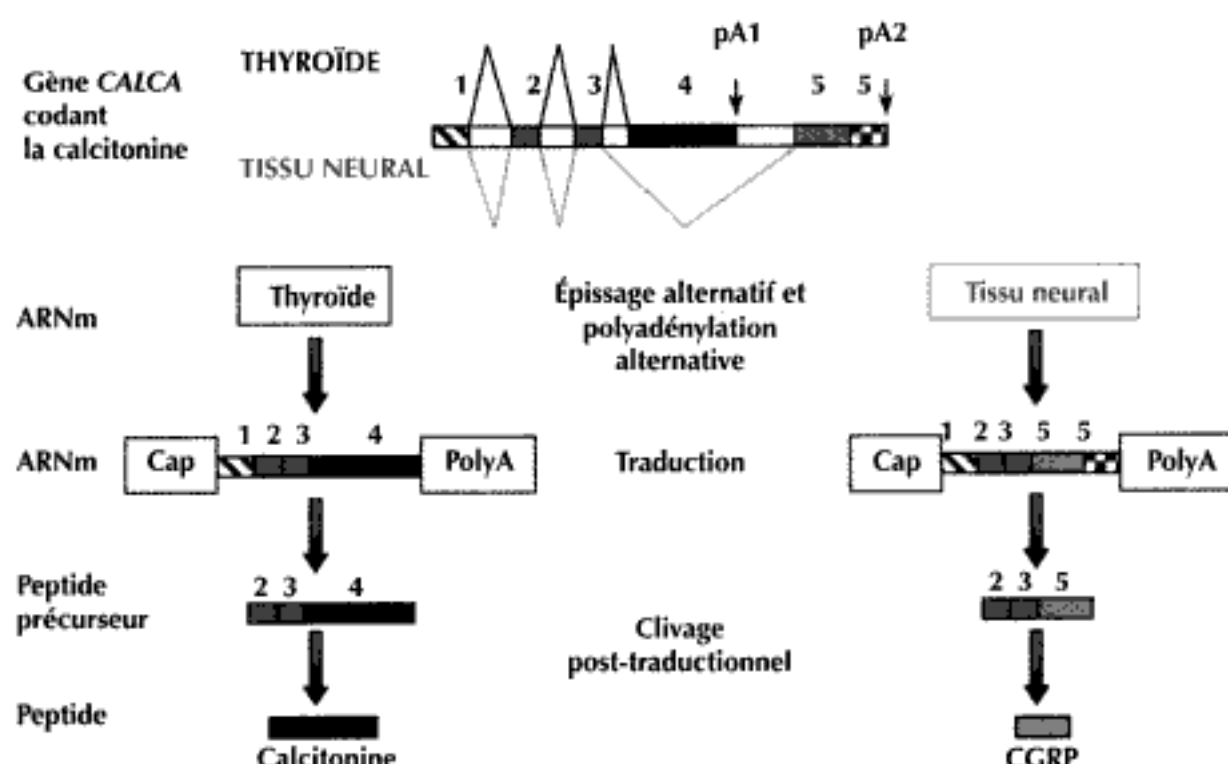
A. Épissage alternatif

Un grand nombre de gènes humains subissent un épissage alternatif au cours duquel plusieurs ARNm différents sont produits avec différentes combinaisons d'exons. Il peut alors en résulter une production d'isoformes tissu-spécifiques : la calcitonine, hormone circulante impliquée dans l'homéostasie du Ca^{2+} est produite par la thyroïde. Le CGRP (*calcitonin gene – related peptide*) neuromodulateur est synthétisé dans l'hypothalamus (fig. 6). Deux protéines différentes peuvent donc être codées par un même gène.

L'épissage alternatif peut également entraîner l'apparition d'isoformes membranaires et solubles, ou bien la production d'isoformes présentant des localisations intracellulaires différentes, ou bien encore la présence d'isoformes à fonctions différentes.

B. Sites de polyadénylation multiples

Pour de nombreux gènes, au moins deux sites de polyadénylation ont été rapportés dans la région 3' non codante. Ces polyadénylations différentielles peuvent être associées à la production de transcrits tissu-spécifiques présentant des fonctions parfois différentes (exemple de la calcitonine).



pA1 et pA2 représentent les sites alternatifs de polyadénylation dans la thyroïde et le tissu neural respectivement. À la suite d'un épissage alternatif, la calcitonine est codée par l'exon 4 du gène *CALCA* dans la thyroïde et le CGRP (*calcitonin gene-related peptide*) par la région 5' de l'exon 5 (d'après Strachan T. et Read A.P., 1999).

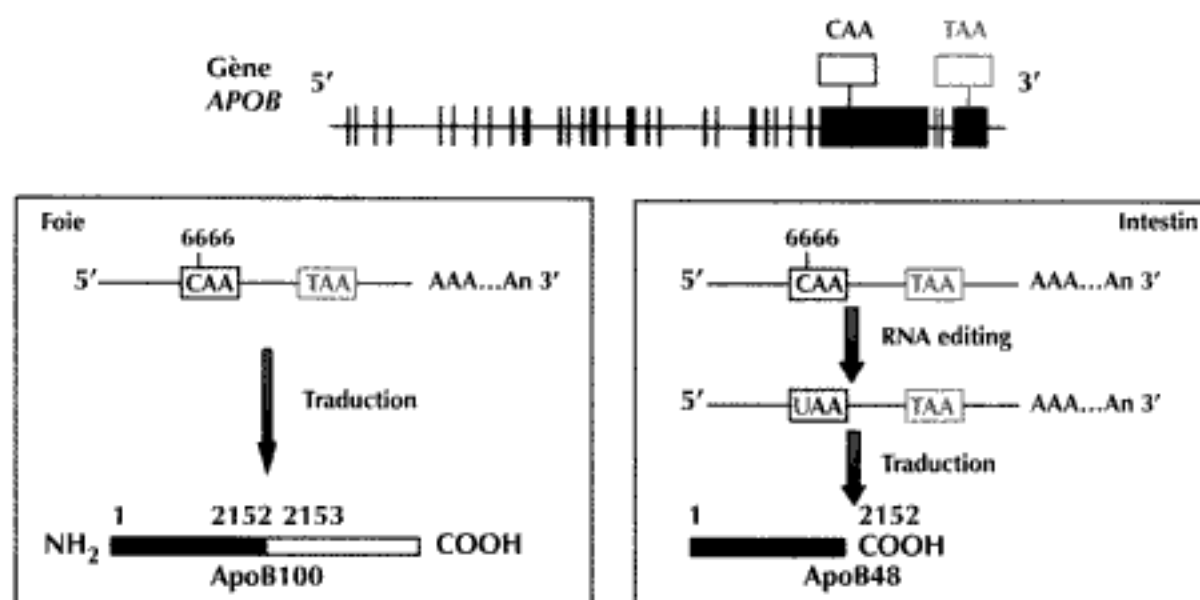
Figure 6. Maturation différentielle tissu-spécifique des produits du gène *CALCA* codant la calcitonine et le CGRP

C. RNA editing

Il s'agit d'une modification post-transcriptionnelle de la séquence de l'ARNm. Ce phénomène semble peu utilisé par la cellule. L'exemple le plus connu concerne la synthèse des apolipoprotéines B. L'Apo B100 est synthétisée dans le foie (512 kDa). L'Apo B48 est synthétisée dans l'intestin (environ 250 kDa) et sa séquence primaire est identique à celle de la partie N-terminale de l'Apo B100. Ces deux protéines sont codées par un même gène (fig. 7).

D. Stabilité des ARNm

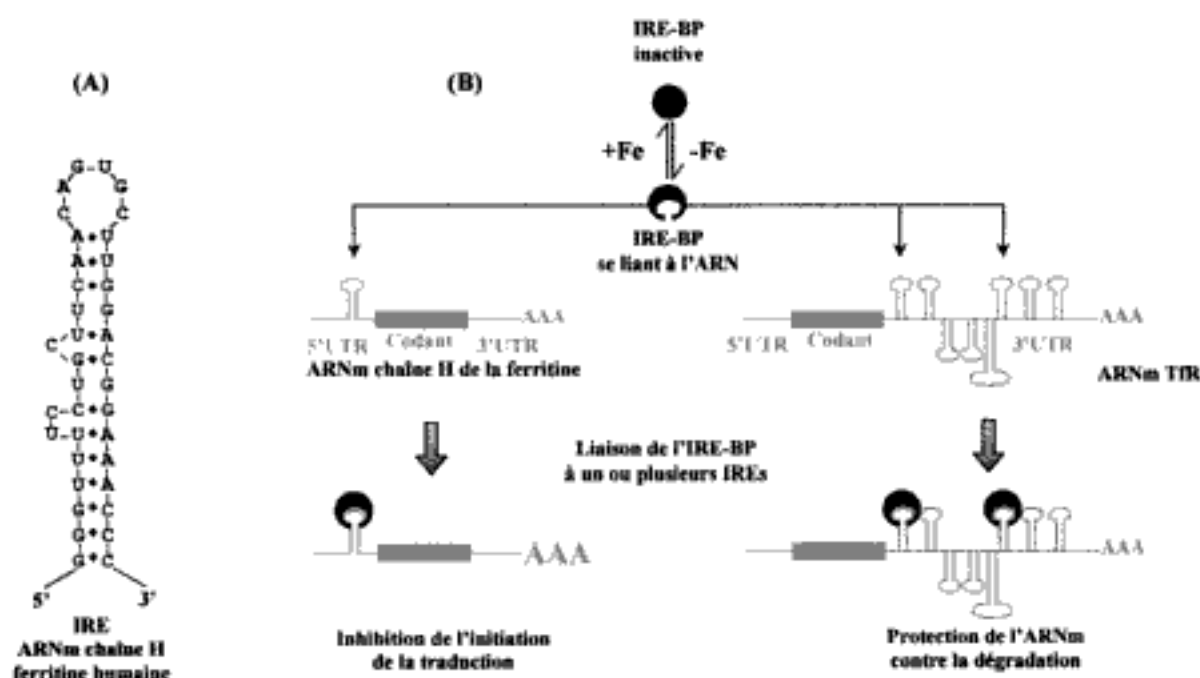
La ferritine et le récepteur de la transferrine (TfR), protéines permettant respectivement le stockage et l'entrée du fer dans la cellule, représentent un excellent modèle de régulation post-transcriptionnelle concertée. Lorsque des hépatocytes sont incubés en présence de fer, la traduction du message de la ferritine est augmentée et ceci extrêmement rapidement, tandis que le message du TfR n'est plus traduit (en fait, il est détruit). L'analyse de la structure des messages de ces deux protéines montre qu'ils possèdent tous les deux une séquence en épingle à cheveux IRE (*iron responsive element*) susceptible de fixer une protéine régulatrice IRP (*iron responsive protein*). Le message de la ferritine possède des IRE dans sa partie 5', alors que le message du TfR possède des IRE dans sa région 3' (fig. 8). En l'absence de fer, l'IRP est active et se fixe sur les IRE. Elle empêche ainsi la traduction de l'ARNm de la ferritine et stabi-



Dans le foie, on retrouve en position 6666-6668 du gène la séquence CAA (codon 2153 Gln). Le produit de ce gène est l'Apo B100. Dans l'intestin, une cytosine désaminase, l'ApoBec 1 convertit la cytosine 6666 en uridine générant un codon 2153 STOP et entraînant la synthèse d'un produit plus court, l'Apo B48 (d'après Strachan T. et Read A.P., 1999).

Figure 7. « RNA editing » et expression du gène de l'APOB dans l'intestin

lise le messager du TfR alors traduit. En présence de fer, l'IRP est inactive, les IRE sont libres. La traduction de la ferritine est active. L'ARNm du TfR n'est pas traduit car instable, il est détruit. Ce système permet à la cellule de réagir de manière optimale et très rapide en fonction de la concentration intracellulaire en fer.



A : structure de l'IRE de la région 5'UTR de l'ARNm de la chaîne H de la ferritine humaine.

B : fixation de l'IRE BP (*IRE binding protein*) en l'absence de fer. La traduction de la ferritine est alors impossible. L'ARNm du TfR est stabilisé et traduit (d'après Strachan T. et Read A.P., 1999).

Figure 8. Régulation post-transcriptionnelle des ARNm de la ferritine et du récepteur de la transferrine (TfR), rôle des IRE (*iron responsive element*)

VI. Régulation post-traductionnelle

A. Acquisition de la structure tertiaire

Le polypeptide est inactif jusqu'à ce qu'il se replie en une structure tertiaire adéquate.

B. Clivage protéolytique

Certaines protéines sont formées après une coupure réalisée par des protéases. Ces coupures se produisent à une ou aux deux extrémités du polypeptide entraînant une réduction de la taille de la protéine. Les protéases peuvent également couper le polypeptide en de nombreux segments, chacun d'entre eux étant actif.

Exemple de l'insuline : l'insuline est synthétisée à partir de la prépro-insuline, peptide de 105 AA. La voie de synthèse de l'insuline implique l'excision des 24 premiers AA pour former la pro-insuline suivie de deux coupures supplémentaires qui excisent un segment central (le peptide C) donnant naissance aux deux parties actives de la protéine, la chaîne A et la chaîne B qui se lient entre elles par deux ponts disulfures.

Le premier segment de 24 AA excisé est un peptide signal extrêmement hydrophobe qui permet l'adressage de la protéine précurseur à la membrane cellulaire avant le transport transmembranaire et la sécrétion extracellulaire.

C. Modifications chimiques

Les acides aminés du polypeptide peuvent être modifiés par addition de groupements chimiques : O-glycosylation sur des sérines ou des thréonines, N-glycosylation sur des asparagines, méthylation, acétylation, phosphorylation, hydroxylation, addition de chaînes lipidiques...

Conclusion

Toutes les étapes impliquées dans l'expression d'un gène conduisant à la production d'une protéine peuvent être soumises à une régulation particulièrement fine permettant ainsi un contrôle de l'expression des gènes au niveau des différents tissus mais également à un niveau chronologique (différents stades embryonnaires, cycles cellulaires).

Si la grande majorité des événements régulateurs se produisent lors de l'initiation de la transcription, l'environnement chromatinien ainsi que les événements post-transcriptionnels, traductionnels et post-traductionnels jouent également un rôle fondamental dans la régulation qualitative et quantitative de l'expression finale du gène sous forme de protéine.

L'essentiel de la question

De nombreux mécanismes sont impliqués dans la régulation de l'expression des gènes au niveau de différents tissus ou dans le temps (embryogenèse, cycle cellulaire...). Les différents niveaux de régulation correspondent aux différentes étapes nécessaires à l'expression du gène, de son accessibilité au sein de la chromatine à son produit d'expression : la protéine.

Au niveau chromatinien, l'état de condensation de la chromatine, l'acétylation des histones des nucléosomes, la méthylation de cytosines appartenant aux doublets CpG en particulier dans la région 5' non transcrite des gènes, influencent l'activité transcriptionnelle des gènes.

Au niveau transcriptionnel, le taux basal de transcription induit par le promoteur minimal d'un gène (régulation en *cis*) peut être finement modulé par la liaison de facteurs protéiques (régulation en *trans*) susceptibles de reconnaître des séquences spécifiques de l'ADN au niveau d'autres régions *cis* régulatrices dans des séquences flanquant le gène ou également dans ses introns (*enhancers*, *silencers*). La fixation de ces protéines régulatrices confère à la transcription sa spécificité tissulaire et chronologique. Un gène peut également coder différents variants protéiques dans différents tissus en utilisant des promoteurs alternatifs, tissus spécifiques.

La régulation de l'expression des gènes au niveau post-transcriptionnel regroupe des mécanismes intervenant dans la maturation de l'ARN comme l'épissage, l'adressage, le stockage, la dégradation. L'épissage peut conduire à une diversité importante de produits issus d'un même gène (épissage alternatif). Dans différents tissus, l'épissage alternatif d'un même transcrit peut conduire à des protéines de structure voisine ou franchement différentes (calcitonine et CGRP). L'utilisation de site de polyadénylation alternatif peut également conduire à la production de protéines différentes. L'ARNm peut également subir des modifications au niveau de sa séquence (*RNA editing* et APOB).

L'ARNm mature est adressé vers le lieu où il sera pris en charge par les ribosomes pour être traduit en protéine. L'acheminement de l'ARNm vers un territoire subcellulaire spécifique, son stockage, sa stabilité (ARNm de ferritine, récepteur de la transferrine) déterminent ainsi le comportement et l'abondance de la protéine résultante.

Au niveau traductionnel et post-traductionnel, la maturation des protéines, leur adressage, les modifications chimiques post-traductionnelles tels que les clivages de propeptides, les glycosylations, méthylations constituent différents niveaux de régulation... Les protéines codées par les gènes peuvent être acheminées à différents endroits de la cellule ou exportées au niveau extracellulaire et, dans certains cas, différentes isoformes issues de l'expression du même gène pourront avoir des adressages différents.

Pour en savoir plus

- Alberts B., Bray D., Johnson A. et al. *Essential cell biology : an introduction to the molecular biology of the cell*. Garland Publishing Inc., 1998.
- Brown T.A. *Genomes*. Garland Science, 3^e éd., 2006.
- Kaplan J.-C., Delpech M. *Biologie moléculaire et médecine*. Paris, Flammarion Médecine-Sciences, 1993.
- Strachan T., Read A.P. *Human Molecular Genetics 3*. Garland Science Publishing, 3^e éd., 2003.



Biochimie fondamentale

Métabolisme du glycogène

J.-F. BENOIST, D. PORQUET

Laboratoire de biochimie, Faculté de pharmacie, Paris-XI

I. Glycogénogenèse

- A. Substrats de la glycogénogenèse
- B. Formation de la molécule de proglycogène
- C. Allongement des chaînes de glycogène
- D. Ramification du glycogène
- E. Bilan énergétique

II. Glycogénolyse

- A. Produits de glycogénolyse
- B. Raccourcissement des chaînes de glycogène
- C. Suppression des ramifications
- D. Hydrolyse lysosomique du glycogène

III. Régulation du métabolisme du glycogène

- A. Considérations générales
- B. Phosphorylation de la glycogène phosphorylase (GP)
- C. Phosphorylation de la glycogène synthase (GS)
- D. Déphosphorylation de la GS, de la GP et de la GPK
- E. Régulations complémentaires par allostérie
- F. Régulation du métabolisme du glycogène dans différents tissus

L'accumulation de glycogène dans les tissus, notamment le muscle et le foie, est un processus physiologique en réponse à l'augmentation de la glycémie en période postprandiale. Les voies métaboliques de la synthèse du glycogène sont tissu-dépendantes et impliquent l'action successive de différentes protéines et enzymes. La glycogénolyse est une voie qui dégrade le glycogène en glucose-1-phosphate (Glc 1-P) et en un peu de glucose. La glycogénolyse hépatique est un processus qui participe à la régulation de la glycémie (voir chapitre suivant) alors que dans tous les autres tissus, le glucose-6-phosphate (Glc 6-P) produit est localement utilisé à des fins énergétiques. Le métabolisme du glycogène est finement régulé de façon tissu-spécifique et fait intervenir les principaux modes de régulation enzymatique (allostérie, modification covalente par phosphorylation-déphosphorylation, régulation par l'expression génique et par la disponibilité en substrat). Du fait du rôle particulier du glycogène hépatique dans la régulation de la glycémie, il existe des isoformes spécifiques du foie pour pratiquement toutes les enzymes du métabolisme du glycogène. Nous aborderons ici uniquement les aspects de la régulation de ce métabolisme dans le foie et le muscle.

I. Glycogénogenèse

A. Substrats de la glycogénogenèse

Le substrat direct de la glycogène synthase (GS) est l'UDP glucose (UDP-Glc). Sur le plan énergétique, la production d'UDP-Glc à partir du glucose consomme deux équivalents ATP. En période postprandiale, le glucose alimentaire est le pourvoyeur de l'UDP-Glc pour tous les tissus avec une particularité pour l'hépatocyte qui accepte aussi le galactose. Après leur entrée dans la cellule, le plus souvent par diffusion facilitée, le glucose et le galactose sont phosphorylés en Glc 6-P et Gal 1-P, ce qui évite une éventuelle rétrodiffusion.

Dans le cas du glucose, la phosphorylation est assurée par une hexokinase. Elle est d'un type particulier dans le cas de l'hépatocyte et de la cellule β du pancréas : la glucokinase.



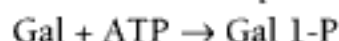
Le Glc 6-P est ensuite isomérisé en Glc 1-P par l'action réversible de la phosphoglucomutase. Bien que réversible, l'équilibre est fortement en faveur du Glc 6-P (95 %). La glycogénogenèse ne peut donc s'effectuer qu'en présence de fortes concentrations intracellulaires en Glc 6-P.



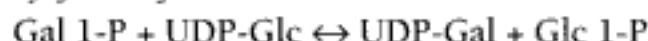
L'UTP-glucose-1-phosphate uridylyltransférase ou UDP-glucose pyrophosphorylase catalyse réversiblement le transfert du Glc 1-P sur une molécule d'UTP avec libération de pyrophosphate provenant des deux résidus phosphorylés externes de l'UTP. L'hydrolyse du pyrophosphate par une pyrophosphatase déplace l'équilibre vers la formation d'UDP-Glc.



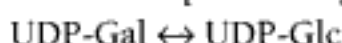
Le galactose suit dans l'hépatocyte une voie métabolique différente par les trois premières étapes : phosphorylation en Gal 1-P par la galactokinase de l'hépatocyte.



Acquisition par le Gal 1-P d'un groupe uridyde venant de UDP-Glc par l'*UDP-glucose-1-phosphate uridylyltransferase*



Épimérisation de l'UDP-Gal en UDP-Glc par l'*UDP-glucose 4-épimerase*



Les différents tissus sont équipés en transporteurs du glucose et en kinases variant dans leurs structures, affinité et régulation. (voir chapitre suivant). Cela conditionne fortement le débit glucosé d'un tissu à l'autre et explique en grande partie les particularités du métabolisme du glycogène selon les tissus.

B. Formation de la molécule de proglycogène

À l'origine de toute molécule de glycogène se trouve une protéine amorce de 37 kDa : la *glycogénine*. La glycogénine possède une activité glycosyltransférase qui lui permet de s'autoglycosyler à partir d'UDP glucose. Un premier résidu glucosyl est transféré sur l'hydroxyle phénolique d'une tyrosine de la protéine, suivi de la fixation en α 1,4 de cinq à sept autres résidus glucosyls pour former la molécule de glycogénine glycosylée.

Une molécule de *proglycogène* (MM \approx 400 kDa) est ensuite formée par les actions successives d'une isoforme de la *glycogène synthase* de très haute affinité pour l'UDP-Glc (Km \approx μ M), et de l'*enzyme branchante* (voir plus loin). Ces deux enzymes sont activées par des interactions protéine-protéine avec la glycogénine. À partir des molécules de proglycogène seront synthétisées puis dégradées – en fonction du statut nutritionnel et hormonal – les molécules de *macroglycogène* (MM \approx 10^7 kDa). À ce stade, il est important de constater que :

- le nombre de granules de glycogène est en relation directe avec le nombre de molécules de glycogénine ;
- que la glycogène synthase n'est active que lorsqu'elle est en contact avec la glycogénine.

C. Allongement des chaînes de glycogène

La glycogénogenèse comme on l'entend classiquement est d'abord le fait de l'allongement des chaînes α 1,4-glucosidiques assurée par la *glycogène synthase* (GS). Le substrat de la GS est l'UDP-Glc. C'est une glycosyltransférase qui prélève le résidu glucosyl de l'UDP-Glc pour le fixer par une liaison α 1,4 sur le C⁴ du résidu glucosyl accepteur d'une des extrémités non réductrices d'une molécule de glycogène. L'apport en Glc 6-P et la vitesse de la réaction catalysée par la GS sont les étapes limitantes de la glycogénogenèse.

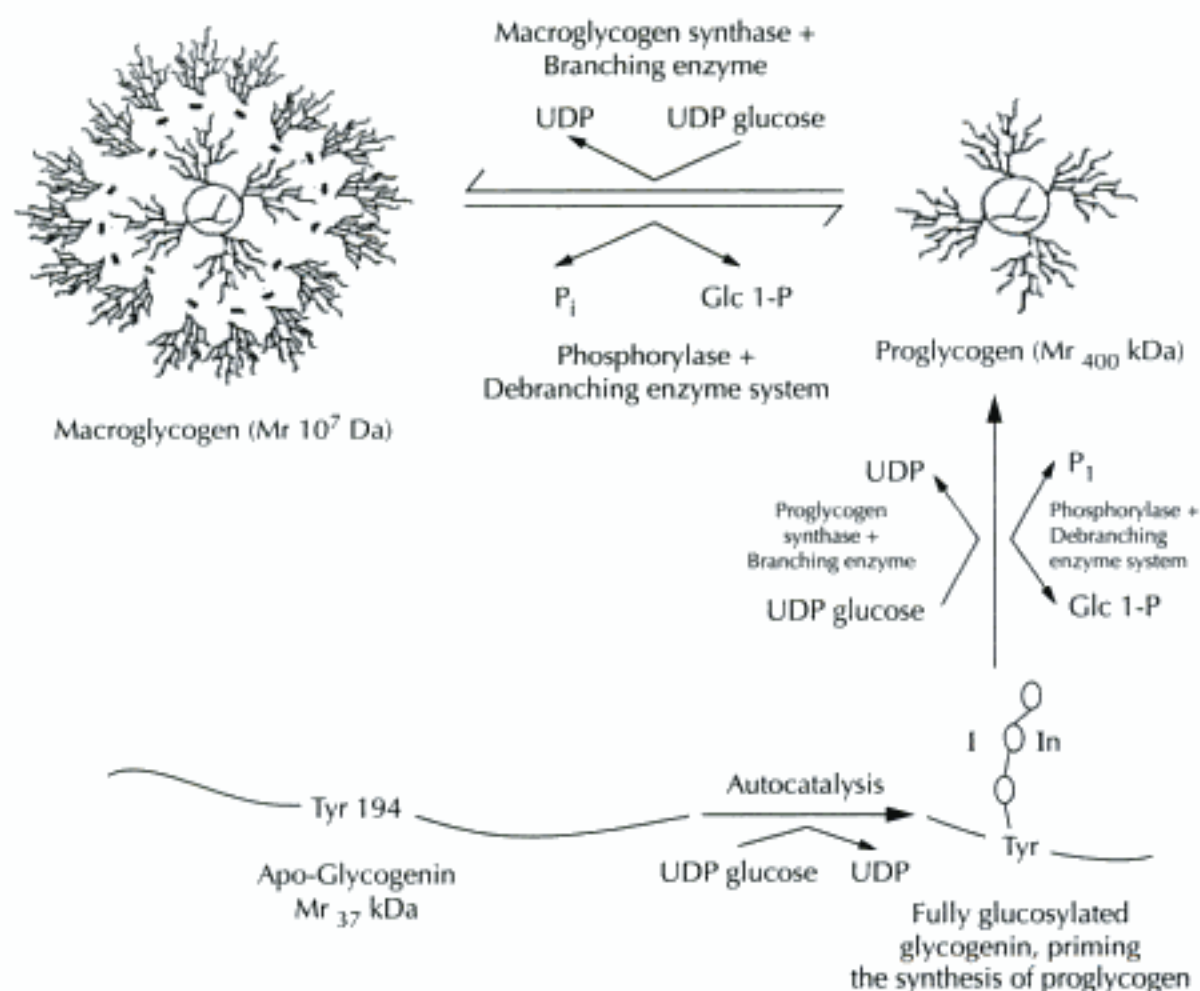


Figure 1. Synthèse du proglycogène et du macroglycogène (d'après J. Lomako *et al.*, 2004)



À noter que chaque chaîne A et B possède à peu près la même longueur et qu'il y a deux branchements par chaîne B. Seules cinq couches ont été représentées ici, alors qu'il y en a une douzaine sur la molécule complète (d'après Melendez-Hévia *et al.*, 2000).

Figure 2. Représentation schématique du macroglycogène

D. Ramification du glycogène

Le glycogène présente une structure arborescente très branchée (une ramification pour # 8 résidus) Quand l'allongement d'une chaîne est suffisant, une α 1,4- α 1,6-*transglycosylase* (*enzyme branchante*) catalyse le transfert d'un oligosaccharide terminal comportant six ou sept résidus glucosyles prélevés sur une extrémité non réductrice (comportant au minimum onze résidus) et le fixe en α 1,6 sur un résidu glucosyl intrachaine. Il se crée ainsi une nouvelle ramification, point de départ pour une nouvelle chaîne α 1,4-glucosidique (fig. 2). Il n'existe pas de régulation à ce niveau, c'est l'apport en substrat, c'est-à-dire l'activité de la GS, qui conditionne l'activité de l'enzyme branchante.

E. Bilan énergétique

La mise en réserve d'une molécule de glucose ou de galactose sous forme de glycogène consomme deux équivalents ATP (1ATP +1 UTP).

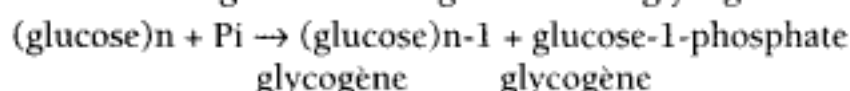
II. Glycogénolyse

A. Produits de glycogénolyse

Le produit de la glycogène phosphorylase est le Glc 1-P. Celui-ci est rapidement isomérisé en Glc 6-P par la phosphohexomutase (réaction réversible mais équilibre largement en faveur du Glc 6-P comme vu précédemment). L'action de l'enzyme débranchante produit pour sa part du glucose libre en quantité proportionnellement très limitée, qui sera rapidement phosphorylé en Glc 6-P. À l'exception du foie et de très rares autres tissus qui expriment une glucose-6-phosphatase et qui peuvent ainsi libérer du glucose dans la circulation générale, les autres tissus utilisent le Glc 6-P par la voie de la glycolyse à une fin énergétique.

B. Raccourcissement des chaînes de glycogène

La *glycogène phosphorylase* catalyse le transfert d'un résidu glucosyle prélevé sur une extrémité non réductrice du glycogène pour le fixer sur un groupement OH de l'acide phosphorique formant une molécule de *glucose-1-phosphate*. À noter que cette réaction permet de mobiliser le glucose d'un glycogène sous une forme directement activée en récupérant l'énergie qui se trouve dans la liaison osidyle, économisant ainsi l'énergie nécessaire pour la phosphorylation du glucose. C'est l'étape limitante du catabolisme qui est elle aussi finement régulée, comme nous le verrons plus loin. La réaction générale de dégradation du glycogène est la suivante :



La glycogène phosphorylase s'arrête à quatre unités glucose en amont d'une ramification α 1-6 (« dextrine limite »).

C. Suppression des ramifications

Les ramifications sont élaguées par deux activités enzymatiques localisées sur une même protéine : l'enzyme *débranchante*. Lorsque les chaînes terminales non réductrices deviennent trop courtes pour permettre l'action de la glycogène phosphorylase, une α 1,4- α 1,4-transglycosylase (4- α -glucanotransférase) prélève un oligosaccharide de trois résidus sur un branchement en ne laissant que le résidu α 1,6-glucosyl. Cet oligosaccharide est transféré en α 1,4 sur l'extrémité non réductrice d'une autre chaîne.

La seconde activité enzymatique est une activité α -glucosidase (amylo- α -1,6-glucosidase), qui hydrolyse l' α -1,6-glucosyl résiduel et libère du glucose (fig. 2). La glycogène phosphorylase peut ainsi poursuivre la glycogénolyse. L'enzyme débranchante ne semble pas soumise à régulation mais elle ne fonctionne que dans la mesure où la glycogène phosphorylase lui fournit un substrat.

L'action combinée de la glycogène phosphorylase et de l'enzyme débranchante aboutit à la diminution de la masse moléculaire des molécules de glycogène. Si en situation physiologique la concentration en glycogène reste stable, on observe en revanche des variations importantes de la masse moléculaire par renouvellement rapide autour des extrémités non réductrices.

D. Hydrolyse lysosomique du glycogène

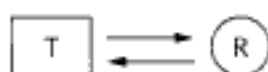
Comme tous les constituants d'une cellule, le glycogène est soumis à un renouvellement continu, réalisé par les hydrolases acides des lysosomes. C'est ainsi que la maltase acide hydrolyse le glycogène qui est dirigé vers l'intérieur des lysosomes. Cette enzyme improprement appelée maltase acide est en fait une α -glucosidase qui libère du glucose.

III. Régulation du métabolisme du glycogène

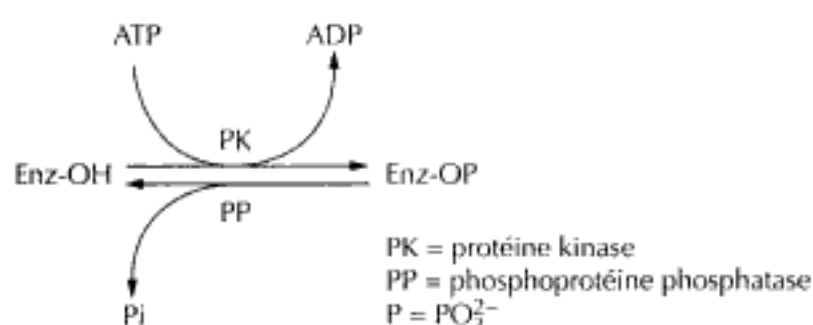
A. Considérations générales

La régulation du métabolisme du glycogène porte sur deux enzymes d'effet opposé. La glycogène synthétase intervient dans la glycogénogenèse et la glycogène phosphorylase, dans la glycogénolyse. Comme pour beaucoup d'enzymes clés du métabolisme, cette régulation implique :

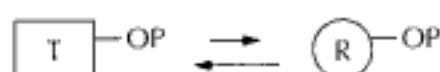
- à très court terme (échelle de l'ordre de la fraction de seconde), un mécanisme par *allostérie* avec modification par l'*effecteur* enzymatique de l'équilibre entre une conformation tendue T (encore appelée « forme b ») par définition peu active, et une conformation relâchée R, par définition plus active (encore appelée « forme a ») ;



- à court terme (échelle de l'ordre de la minute), un mécanisme par *phosphorylation-déphosphorylation* qui va également modifier l'équilibre entre les deux conformations T et R. La proportion relative de chaque forme dépend de l'activité de protéines kinases et de phosphoprotéine-phosphatases qui sont elles-mêmes contrôlées par la concentration en divers deuxièmes messagers (AMPc, GMPc, IP3, DAG, Ca^{2+} ...). Une stimulation hormonale provoque ainsi par le déplacement de l'équilibre $\text{R} \rightleftharpoons \text{T}$ une modification d'activité enzymatique.



Exemple pour la glycogène synthase : la phosphorylation déplace l'équilibre $\text{R} \rightleftharpoons \text{T}$ vers la forme T peu active.



La déphosphorylation déplace l'équilibre $\text{R} \rightleftharpoons \text{T}$ vers la forme R plus active.



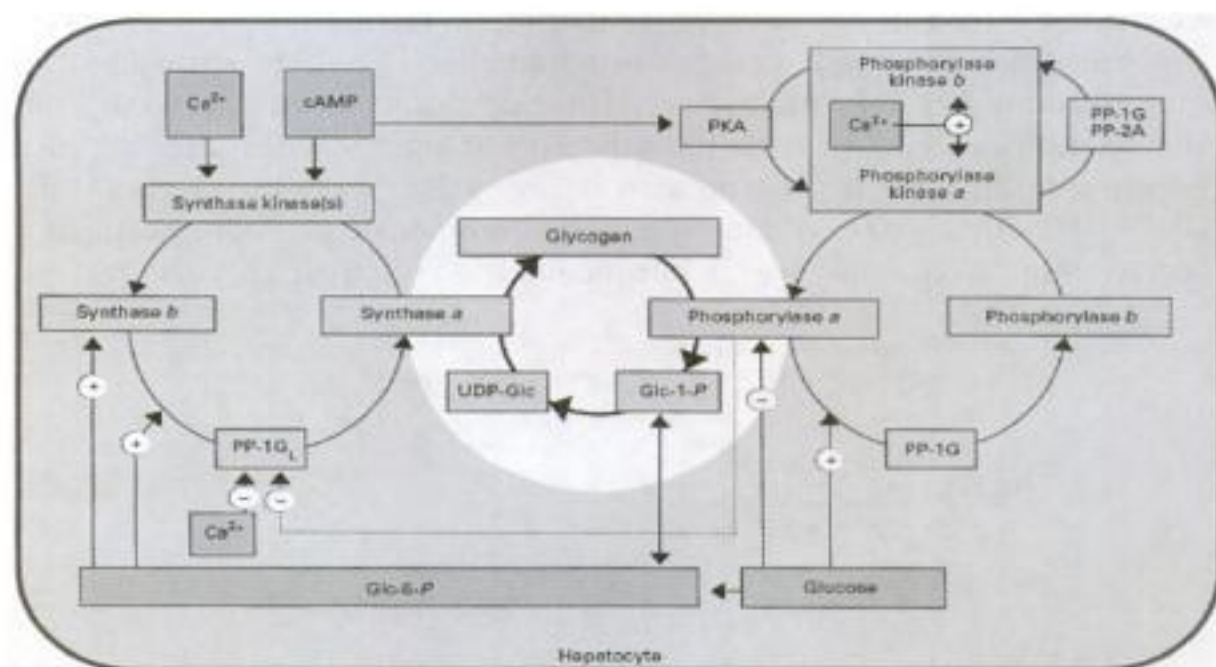
Le G6-P en se fixant sur la forme R minoritaire de la GS phosphorylée (majoritairement sous forme T peu active), entraîne un déplacement de l'équilibre $\text{R} \rightleftharpoons \text{T}$ vers la forme R.

Exemple pour la pour la glycogène phosphorylase :

- la phosphorylation déplace l'équilibre $\text{R} \rightleftharpoons \text{T}$ vers la forme R plus active ;
- la déphosphorylation déplace l'équilibre $\text{R} \rightleftharpoons \text{T}$ vers la forme T moins active ;
- le glucose en se fixant sur la forme T minoritaire de l'enzyme phosphorylée (majoritairement sous forme R, plus active), entraîne un déplacement de l'équilibre $\text{R} \rightleftharpoons \text{T}$ vers la forme T.

La phosphorylation provoque donc un effet inverse sur les deux enzymes catalysant des réactions opposées. Quand le message porté par les seconds messagers active les protéines kinases, les enzymes sont phosphorylées, donc la glycogénolyse stimulée et la glycogénogenèse inhibée. C'est l'inverse quand les deuxièmes messagers provoquent la déphosphorylation des enzymes.

Ce dispositif, qui se retrouve d'ailleurs dans beaucoup d'autres régulations cellulaires, empêche la formation d'un cycle futile dans lequel la glycogénolyse et la glycogénogenèse fonctionneraient en même temps sans résultat mais en consommant inutilement de l'énergie. La glycogène synthase et la glycogène phosphorylase ne peuvent pas être activées en même temps.



Abréviations : PKA, protéine kinase A ; Glc 1-P, glucose-1-phosphate ; Glc 6-P, glucose-6-phosphate ; UDP-Glc, UDP-glucose.

Figure 3. Régulation du métabolisme du glycogène dans le foie

B. Phosphorylation de la glycogène phosphorylase (GP)

On sait depuis longtemps qu'une élévation de la concentration intracellulaire en second messager (AMPc et Ca^{++}) entraîne une phosphorylation de la glycogène phosphorylase qui se trouve ainsi transformée en forme « a » plus active. Cette activation fait naturellement intervenir des protéines kinases AMPc et/ou Ca^{++} dépendantes.

Les différentes isoformes de la GP comportent toutes un seul site de phosphorylation au voisinage de l'extrémité N terminale. Il est maintenant bien établi que seule une protéine kinase particulière, la glycogène phosphorylase kinase (GPK), est capable *in vivo* de phosphoryler ce site. La GPK est constituée de quatre sous-unités : une sous-unité catalytique (γ) et trois sous-unités régulatrices. Les deux premières (α et β) sont elles-mêmes régulées par phosphorylation-déphosphorylation et la troisième (δ), par fixation de calcium. La GPK est ainsi activée soit par fixation du Ca^{++} sur sa sous-unité, soit par phosphorylation de ses sous-unités α et β par la protéine kinase A. Elle constitue donc un relais obligatoire pour les seconds messagers (AMPc/ IP_3) et participe ainsi à un effet d'amplification de leur signal (chaque molécule d'une enzyme activée active à son tour un grand nombre de molécules d'une autre enzyme).

En pratique, l'activation de la de la GPK par le calcium concerne essentiellement le muscle lors de la contraction musculaire. L'activation de la GPK par phosphorylation (par la PKA) est, dans le foie, sous le contrôle principal du glucagon et accessoirement des catécholamines et, dans le muscle, sous le contrôle des catécholamines. La GPK activée active à son tour la GP et induit la glycogénolyse.

C. Phosphorylation de la glycogène synthase (GS)

Contrairement à ce que nous venons de voir pour la glycogène phosphorylase, les différentes isoformes de la GS comportent de très nombreux sites de phosphorylation et sont phosphorylées par plusieurs protéines kinases. Par exemple, la GS musculaire possède une dizaine de sites de phosphorylation et peut être phosphorylée par au moins huit protéines kinases différentes. Tous les sites de phosphorylation ne se retrouvent pas dans toutes les isoformes, d'où pour chaque tissu une sensibilité différente et adaptée de la GS à diverses stimulations de la glycogénogenèse. En pratique, la phosphorylation de la glycogène synthase qui conduit à son inactivation est majoritairement réalisée par la protéine kinase A, dont l'activité est induite par les catécholamines dans le muscle, et le glucagon, accessoirement les catécholamines, dans le foie.

D. Déphosphorylation de la GS, de la GP et de la GPK

L'équilibre fondamental, enzyme phosphorylée-enzyme déphosphorylée doit pouvoir être déplacé dans les deux sens pour assurer la réversibilité des régulations. Les phosphorylations par les protéines kinases sont compensées par les déphosphorylations réalisées par les phosphoprotéines-phosphatases. Dans le métabolisme du glycogène, ces déphosphorylations sont principalement catalysées par une seule phosphoprotéine-phosphatase, la phosphoprotéine-phosphatase 1 (PP 1). Cette PP 1 participe à la régulation de nombreux métabolismes. Elle s'associe à différentes « protéines de ciblage » (*targeting sub-units*) pour se spécialiser dans la régulation d'un métabolisme. Associée à une protéine de ciblage, malencontreusement appelée protéine G (G pour « glycogène »), elle s'incorpore aux particules de glycogène et, de fait, se spécialise dans la régulation de son métabolisme. De plus, cette association à la protéine de ciblage G augmente l'activité spécifique de la PP 1. Afin d'éviter toute confusion, il faut bien noter qu'il ne s'agit absolument pas d'une « protéine G hétérotrimérique », protéine de transduction associée aux nucléotides guanyliques et douée d'une activité GTPasique.

La PP 1 est elle-même régulée par un peptide inhibiteur (Inh 1). Quand ce peptide est phosphorylé par la protéine kinase A, il se fixe sur le centre actif de la PP 1 pour l'inhiber. Nous avons donc un mécanisme autoprotégé : la protéine kinase A activée par l'AMPc entraîne directement ou indirectement la phosphorylation de la glycogène synthétase et de la glycogène phosphorylase pour déclencher la glycogénolyse et en même temps phosphoryle l'inhibiteur 1 pour empêcher la déphosphorylation de ces enzymes. Pour interrompre cette stimulation glycogénolytique, il faut l'intervention d'une autre phosphoprotéine phosphatase, la PP 2B (CaM) qui, en déphosphorylant l'inhibiteur 1 lève l'inhibition de la PP 1 et permet la déphosphorylation de la glycogène synthétase et de la glycogène phosphorylase. C'est le second messenger Ca^{2+} qui interrompt le message de l'AMPc.

Pendant cette même stimulation, la phosphorylase kinase a également été activée par phosphorylation de ses sous-unités α et β par la protéine kinase A, participant

ainsi à la régulation du métabolisme du glycogène. La PP 2A (CaM) déphosphoryle la sous-unité α en même temps que l'inhibiteur 1 phosphorylé. La PP 1 peut ainsi déphosphoryler la sous-unité β .

Enfin, la protéine phosphatase 1 elle-même existe sous deux formes interconvertibles, une forme phosphorylée et active, et une forme non phosphorylée et inactive. Cette phosphorylation est catalysée par une protéine kinase stimulée par l'insuline.

E. Régulations complémentaires par allostérie

- *Le glucose-6-phosphate* est un activateur allostérique de la GS phosphorylée (T_{OP} peu active \rightarrow R_{OP} plus active). Une accumulation locale de Glc-6P entraîne donc une glycogénogenèse en dehors de toutes stimulations externes. Ce mécanisme se retrouve dans le foie comme dans le muscle.
- *La charge énergétique* : l'élévation de la concentration intracellulaire en AMP est un témoin très sensible d'un manque d'énergie. L'AMP est un activateur allostérique de la GP non phosphorylée (T_{OH} peu active \rightarrow R_{OH} plus active). En dehors de toute stimulation hormonale par modification covalente, la glycogénolyse peut donc être déclenchée très rapidement localement par un manque d'énergie et ainsi fournir du substrat pour la glycolyse qui, dans cet état physiologique, est elle-même stimulée au niveau de la PFK1 par le même message délivré par le même effecteur allostérique : l'AMP. L'ATP produit rétablit la charge énergétique de la cellule. Ce mécanisme est très efficace dans le muscle. Dans l'hépatocyte, la charge énergétique se maintient généralement à un niveau élevé et cette régulation n'intervient qu'exceptionnellement.
- *Le glucose* se comporte comme un inhibiteur allostérique de la GP phosphorylée (R_{OP} plus active \rightarrow T_{OP} peu active). Quand il se trouve à concentration suffisante dans le cytosol, il se fixe sur son site en provoquant un changement de conformation $R \rightarrow T$ de la GP phosphorylée qui devient ainsi un meilleur substrat pour la PP1. La PP1 se fixe fortement sur la GP phosphorylée (conformation R en majorité) mais elle ne devient vraiment active que lorsque la GP phosphorylée passe dans la conformation T. Ainsi la fixation du glucose inactive la GP_{OP} par deux actions successives :
 - le déplacement instantané vers la conformation T peu active ;
 - la déphosphorylation de T consécutive à ce déplacement. Ce phénomène se manifeste essentiellement dans l'hépatocyte dans lequel l'influx et l'efflux de glucose se produisent librement en fonction du gradient de concentration, grâce à un transporteur membranaire indépendant de l'insuline (GLUT2). La glycogénolyse hépatique en réponse à une stimulation hyperglycémiant (e.g., glucagon), peut être inhibée par une concentration intracellulaire élevée en glucose qui, dans cette situation physiologique, provient de l'hydrolyse du glucose-6-phosphate produit par la gluconéogenèse. La sécrétion du glucose par l'hépatocyte étant assurée par cette gluconéogenèse, il devient inutile de poursuivre la glycogénolyse, la glycogène phosphorylase étant inhibée. Après un certain temps de jeûne, la gluconéogenèse prend ainsi le relais de la glycogénolyse.

F. Régulation du métabolisme du glycogène dans différents tissus

La régulation du métabolisme du glycogène est surtout spectaculaire dans le foie et le muscle strié.

a) Foie

Dans le foie, c'est l'hépatocyte (cellule épithéliale représentant environ les deux tiers de la masse cellulaire hépatique) qui assure la mise en réserve du glucose sous forme du glycogène et sa libération par glycogénolyse dans le cadre plus général de la régulation de la glycémie. Le glycogène hépatique représente une réserve pour l'ensemble de l'organisme. Elle se constitue en période d'apports alimentaires. Pendant le jeûne, le glucose libéré par l'hépatocyte est utilisé par les tissus périphériques. Dans l'hépatocyte, il est généralement accepté de tous que ce sont les apports en Glc 6-P et la GS qui constituent les étapes limitantes de la synthèse du glycogène. La glycogénolyse est sous le contrôle de la glycogène phosphorylase.

- La présence du transporteur *GLUT2* fait de l'hépatocyte un senseur du glucose, il permet de maintenir un équilibre entre les concentrations extracellulaire et intrahépatique. C'est l'activité de la *glucokinase*, isoforme hépatique d'hexokinase de faible affinité pour le glucose (voir chapitre suivant) qui contrôle l'apport en glucose-6P. Ce n'est que lorsque la glycémie dépasse une concentration de l'ordre de 5mM que le foie fait significativement des réserves de glycogène. Dès que les concentrations intracellulaires en glucose-6-P dépassent un certain seuil, il y a activation allostérique de la glycogène synthase b (forme peu active) afin de permettre la mise en réserve du glucose sous forme de glycogène.
- L'insuline, hormone hypoglycémiante, porte le message d'une abondance des apports de nutriments, ce qui dans l'hépatocyte se traduit par une mise en réserve du glucose sous forme de glycogène. Le récepteur de l'insuline fait partie de la famille des récepteurs à activité tyrosine kinase. La liaison de l'insuline à son récepteur entraîne la levée de l'inhibition de l'activité tyrosine kinase du domaine CT intracytoplasmique, ce qui se traduit par l'autophosphorylation sur des résidus tyrosine de ce domaine. Pendant l'activation transitoire, le récepteur de l'insuline provoque également la phosphorylation de résidus tyrosines de plusieurs protéines. De plus, l'autophosphorylation du récepteur entraîne un changement de conformation qui, d'une part, maintient l'activité de la tyrosine kinase et, d'autre part, permet son interaction avec diverses protéines régulatrices. L'endocytose des récepteurs occupés par l'insuline participe probablement aux mécanismes de transduction. Seule une partie des récepteurs endocytés est recyclée à la membrane, le reste est dégradé. L'ensemble de ces phénomènes consécutifs à la liaison de l'insuline à son récepteur entraîne une déphosphorylation de la glycogène synthétase et de la glycogène phosphorylase. La cascade de réactions entre l'activation de la tyrosine kinase et la déphosphorylation de ces enzymes n'est pas encore bien connue. Dans certains types cellulaires, une diminution de la concentration en AMPc par activation d'une AMPc phosphodiesterase expliquerait ce phénomène, mais ce mécanisme n'est certainement pas généralisable à tous les tissus.
- Le *glucagon*, hormone hyperglycémiante, porte le message signalant un manque de glucose dans les tissus périphériques. Il déclenche rapidement dans l'hépatocyte

cyte la glycogénolyse et la sécrétion de glucose en même temps qu'il stimule par ailleurs la gluconéogenèse et permet indirectement le passage des acides gras dans les mitochondries pour y être oxydé, avec formation des coenzymes réduites et d'ATP nécessaire pour cette gluconéogenèse. Le mécanisme de transduction du message du glucagon fait intervenir un récepteur de la « super famille » des récepteurs à sept segments transmembraines couplé aux protéines G hétérotrimériques et un effecteur, l'adénylate cyclase. Le mécanisme général de transduction par une protéine Gs s'applique à celui du glucagon avec activation transitoire de l'adénylate cyclase et production du second messenger, l'AMPc. L'élévation de la concentration en AMPc active la protéine kinase A qui, à son tour, phosphoryle de nombreuses protéines – en particulier la glycogène synthétase et la phosphorylase kinase qui, dans un second temps, active la glycogène phosphorylase. L'arrêt du signal est déclenché d'une part par une insensibilisation du récepteur et d'autre part par l'activation secondaire d'une AMPc phosphodiesterase qui hydrolyse l'AMPc en AMP. La concentration en AMPc diminue et la stimulation s'interrompt. Les phosphoprotéines-phosphatases déphosphorylent les protéines phosphorylées avec retour à l'équilibre initial.

- **Rapport insuline-glucagon.** C'est donc en définitive le rapport insulinémie-glucagonémie qui contrôle cette régulation. Ceci est d'autant plus sensible que le foie, étant irrigué par le sang de la veine porte, est le premier organe à recevoir l'insuline et le glucagon libérés dans la circulation par le pancréas. La concentration en ces hormones est cinq à dix fois plus élevée dans la veine porte que dans la veine sus-hépatique. Le foie est donc de très loin l'organe qui consomme le plus d'insuline et de glucagon. Cette imprégnation par les hormones pancréatiques est surtout importante pour les hépatocytes alignés dans les travées cellulaires de la région périportale. Elle diminue progressivement sur le trajet sanguin vers la veine sus-hépatique. Du fait de la consommation des hormones, leur concentration sanguine diminue progressivement. Le métabolisme des hépatocytes périportaux est nettement « hépatocytaire ». Dans l'extrémité périverneuse des acinis, ce métabolisme tend progressivement vers celui d'un tissu périphérique. Cela explique l'hétérogénéité fonctionnelle des hépatocytes selon leur localisation dans les acinis.
- **L'adrénaline,** par l'intermédiaire des récepteurs β_3 de l'hépatocyte, peut dans une certaine mesure agir dans le même sens que le glucagon. Son récepteur appartient à la même super famille des récepteurs à sept segments transmembranaires et son activation provoque également une activation de la PKA (secondaire à l'activation de l'activité adénylate cyclase) qui dans un second temps phosphoryle la glycogène synthase et la phosphorylase kinase. Au final, il y a activation de la glycogénolyse et dans le même temps répression de la glycogène synthase.
- D'autres hormones agissent également potentiellement sur le métabolisme hépatique du glycogène, notamment la vasopressine et l'angiotensine II. Cependant, il est difficile d'apprécier l'importance fonctionnelle de l'intervention de ces hormones dans différentes situations physiologiques et pathologiques.

b) Muscle strié

Dans le muscle strié, la situation est très différente de celle du foie. Le glycogène constitue une réserve locale (individuelle pour chaque cellule) permettant de four-

nir très rapidement le glucose-6-phosphate à la glycolyse pour donner l'énergie nécessaire au début d'une contraction musculaire. Ultérieurement, le glucose extracellulaire complétera cet apport en attendant l'indispensable prise de relais par le catabolisme des acides gras, voire des corps cétoniques, pour un effort plus prolongé. Il faut donc une régulation du métabolisme du glycogène corrélée avec le déclenchement de la contraction musculaire, d'où le rôle prépondérant du calcium. L'élévation de la concentration en Ca^{++} cytosolique, secondaire à la dépolarisation de membrane et à l'origine de cette contraction musculaire, active dans le même temps la phosphorylase kinase par fixation du Ca^{++} sur sa sous-unité δ (calmoduline). Comme nous l'avons vu, cette phosphorylase kinase phosphoryle à la fois la glycogène synthase (inactivation) et la glycogène phosphorylase (activation), d'où la glycogénolyse.

Par ailleurs, sous l'effet de l'adrénaline, les récepteurs β adrénergiques provoquent l'élévation de la concentration en AMPc. La protéine kinase A ainsi activée phosphoryle les sous-unités α et β de la phosphorylase kinase, ce qui renforce son activation et surtout la rend plus sensible à de plus faibles concentrations en calcium. De plus, la protéine kinase A phosphoryle l'inhibiteur 1 de la phosphoprotéine-phosphatase A et ainsi contribue à maintenir les enzymes sous forme phosphorylée et à prolonger la glycogénolyse. Dans une certaine mesure, une décharge d'adrénaline contribue à un apport de glucose indispensable pour un effort musculaire bref. Après un certain délai, c'est le calcium qui, en activant le PP2A (CaM), déclenche la réversibilité de cette régulation.

Enfin, dans le muscle, l'activation allostérique de la phosphorylase b par l'AMP maintient la glycogénolyse en période de forte consommation d'énergie, indépendamment de toute régulation externe.

Pour en savoir plus

- Lomako J., Lomako W.M., Whelan W.J. *Biochim Biophys Acta*. 2004 ; 1673 : 45-55.
- Melendez R., Melendez-Hevia E., Canela E.I. *Biophys J*. 1999 ; 77 : 1327-32.

Régulation de la glycémie

J.-F. BENOIST, D. PORQUET

Laboratoire de biochimie, Faculté de pharmacie, Paris-XI

- I. Transfert du glucose dans les cellules**
- II. Capture et sécrétion de glucose par les tissus**
 - A. Apport de glucose en période postprandiale
 - B. Rôle privilégié de l'hépatocyte dans la régulation de la glycémie : sécrétion et fixation du glucose
- III. Régulation des voies métaboliques contribuant au maintien de la glycémie**
 - A. Régulation des voies métaboliques contribuant à la sécrétion de glucose dans la circulation sanguine (voir aussi la question sur le métabolisme du glycogène)
 - B. Régulation des voies métaboliques consommant le glucose prélevé dans la circulation sanguine
- IV. Régulations hormonales de la glycémie**
 - A. Hormones hypoglycémiantes
 - B. Hormones hyperglycémiantes
- V. Régulations des sécrétions hormonales participant à la régulation de la glycémie**
 - A. Régulation hyperglycémiante
 - B. Réaction hypoglycémiante

Le glucose est un substrat énergétique essentiel, voire indispensable pour certains tissus. Or peu d'entre eux peuvent en produire et leurs capacités de stockage sont limitées. En revanche, tous les tissus possèdent des transporteurs pour importer le glucose à partir du sang, c'est pourquoi la concentration en glucose dans le sang (glycémie) est un paramètre biologique étroitement régulé et relativement constant. Toute dysrégulation de la glycémie a des conséquences pathologiques parfois sévères. À jeun, les valeurs usuelles sont comprises entre 3,9 et 5,3 mmol/L. Les variations de la glycémie reflètent la différence entre les prélèvements de glucose par les tissus périphériques et les apports provenant de l'absorption intestinale et de la sécrétion hépatique, et dans certaines conditions rénale. De très nombreuses régulations métaboliques, hormonales et nerveuses participent au maintien de la glycémie. Le glucose sanguin représente une masse de glucose comprise entre 5 et 5,5 g pour un adulte. Le glucose du secteur extracellulaire peut être estimé à environ 15 g. Le glycogène hépatique représente une réserve de 80 à 90 g de glucose, constitué pendant la période postprandiale. Cette réserve sert quasi exclusivement au maintien de la glycémie entre les repas.

I. Transfert du glucose dans les cellules

Toutes les cellules peuvent capturer le glucose extracellulaire à l'aide de transporteurs dont il faut distinguer deux types. Dans le cas des cellules polarisées comme celles de l'épithélium digestif ou celles du tube contourné rénal qui assurent respectivement l'absorption digestive et la réabsorption urinaire du glucose au travers de la membrane du pôle apical, le transport du glucose s'effectue contre un gradient de concentration. Pour lutter contre ce gradient défavorable, une pompe ATPase Na/K dépendante génère un contre-gradient de sodium et le glucose est échangé contre une molécule de sodium par un transport antiport. Les transporteurs responsables du transport actif antiport sodium-glucose appartiennent à la famille SGLT (*sodium-dependent glucose transporter*). Trois gènes ont été clonés, dont les deux principaux représentants, SGLT1 et SGLT2, sont respectivement exprimés au niveau de l'intestin et du tubule rénal. Au pôle basolatéral des cellules épithéliales, comme à la membrane plasmique des cellules non polarisées, le glucose traverse grâce à des transporteurs membranaires fonctionnant selon un mécanisme de diffusion facilitée. Le déplacement du glucose s'effectue selon son gradient de concentration, sans consommation d'énergie. Il est saturable et réversible. Ces transporteurs constituent une famille d'isoformes présentant de fortes homologies de séquence : les GLUT (*glucose transporter*). Onze gènes ont été clonés : chaque GLUT se caractérise par sa constante de dissociation pour le glucose. Parmi les plus importants, citons :

- GLUT1 et GLUT3, qui sont exprimés dans presque toutes les cellules. Ils ont une affinité moyenne pour le glucose et assurent l'entrée basale du glucose dans les cellules ;
- GLUT2, qui est exprimé dans le foie et le pancréas. Il présente une faible affinité pour le glucose et intervient essentiellement en phase postprandiale, lorsque la glycémie portale est élevée, pour l'entrée du glucose dans les cellules de ces deux

tissus. Le même GLUT2 assure l'efflux de glucose hors de l'hépatocyte dans les périodes de jeûne ;

- GLUT4, qui est exprimé dans les muscles et le tissu adipeux, présente une très forte affinité pour le glucose. Il se différencie des autres GLUT car, à l'état basal, il se localise dans des vésicules sous-membranaires. C'est la liaison de l'insuline avec son récepteur qui entraîne instantanément une translocation de GLUT4 à la membrane plasmique, augmentant ainsi brutalement le nombre de transporteurs fonctionnels. Ce phénomène est réversible avec retour à l'état basal en l'absence de stimulation par l'insuline. Le nombre de transporteurs GLUT4 à la membrane plasmique est donc directement proportionnel à l'insulinémie, c'est ce qui caractérise les tissus *insulinodépendants*.

Un nombre limité de tissus (muscles striés, adipocytes...) sont insulinodépendants pour l'influx de glucose car ils expriment GLUT1 et GLUT4. GLUT1 assure un influx basal de glucose suffisant en période de repos mais très insuffisant pour répondre à la moindre sollicitation. GLUT4, dont la translocation vers la membrane plasmique est sous le contrôle de l'insulinémie, autorise un influx important de glucose dans les phases postprandiales immédiates.

Les tissus qui expriment GLUT1, GLUT3 ou GLUT5 sont dits « insulino-indépendants » pour l'influx de glucose (cellules nerveuses, rénales, épithéliales ainsi que les globules rouges). La vitesse de pénétration du glucose est indépendante de l'insulinémie. Le nombre de transporteurs GLUT insérés dans la membrane plasmique est constant et assure un influx de glucose suffisant quand la glycémie se trouve dans les limites physiologiques. Les tissus insulino-indépendants pour l'influx de glucose sont par ailleurs très sensibles à l'hypoglycémie. Un influx de glucose insuffisant est à l'origine de souffrance cellulaire qui dans le cas des cellules nerveuses peut être responsable de lésions irréversibles du système nerveux central.

Dans tous les cas, l'influx de glucose dans la cellule – et le prélèvement de glucose dans le secteur extracellulaire – dépend du gradient de glucose, du nombre de transporteurs fonctionnels et du k_d des transporteurs. Le gradient de glucose correspond à la différence entre la glycémie et la concentration du glucose intracellulaire. Cette concentration intracellulaire en glucose est toujours très faible. En effet, dans un tissu périphérique, l'hexokinase assure la phosphorylation rapide du glucose selon une réaction irréversible :



Comme les hexokinases présentent un K_m extrêmement faible pour le glucose (10^{-4} à 10^{-5} mol/L), elles agissent rapidement dès les faibles concentrations en glucose entrant dans la cellule. Le glucose-6-phosphate ne pouvant pas traverser la membrane plasmique, l'action de l'hexokinase empêche ainsi toute ressortie du glucose et maintient le gradient de glucose à son maximum.

L'hépatocyte (cellule épithéliale parenchymateuse représentant environ les deux tiers du foie) et la cellule β du pancréas expriment GLUT2 et se classent dans les tissus insulino-indépendants pour l'influx de glucose. Par ailleurs, ces cellules expriment une isoforme très particulière de l'hexokinase, la glucokinase, d'affinité beaucoup plus faible pour le glucose que l'hexokinase. Par conséquent, la mise en réserve du glucose dans l'hépatocyte sous forme de glycogène ne se fera que pour

des glycémies élevées, tout comme la production d'insuline qui ne devient très significative qu'en cas d'hyperglycémie. De même, la sécrétion de glucose par l'hépatocyte, via GLUT2, pour le maintien de la glycémie ne se fera qu'en présence d'une concentration intra-hépatocytaire en glucose élevée.

II. Capture et sécrétion de glucose par les tissus

Les besoins en glucose des tissus périphériques sont assurés par un prélèvement dans la circulation sanguine.

À l'état basal, au repos et à jeun, la circulation sanguine doit fournir au minimum 1 mmol/min de glucose (200 mg/min). Le cerveau et le système nerveux en consomment environ 60 %, les éléments figurés du sang environ 20 % et les muscles au repos environ 20 %. La quantité de glucose disponible dans le secteur extracellulaire, environ 15 g, n'est pas suffisante pour répondre à cette demande au-delà de quelques dizaines de minutes. Le glucose sécrété par les hépatocytes doit compenser assez rapidement celui qui est prélevé par les tissus périphériques. Par ailleurs, au début d'un effort musculaire brutal, la consommation de glucose peut atteindre 25 mmol/min (soit 5 g par minute). Le glycogène musculaire étant rapidement épuisé, une production hépatique par glycogénolyse est indispensable pour le maintien de la glycémie en attendant que le catabolisme des acides gras relaye la glycolyse pour fournir l'énergie aux muscles.

A. Apport de glucose en période postprandiale

Un repas équilibré devrait représenter environ 120 g de glucides assimilables qui, après digestion, fournissent du glucose, du galactose et du fructose. Le glucose, qui possède dans l'intestin grêle un transporteur actif par antiport glucose- Na^+ , est absorbé plus rapidement que le fructose. À l'état physiologique, il se produit une légère hyperglycémie postprandiale. Cette hyperglycémie est à l'origine d'une sécrétion d'insuline par les cellules β du pancréas. Les glucides absorbés se retrouvent d'abord sous forme de glycogène hépatique. Le reste est soit consommé par les tissus périphériques pendant la période postprandiale, soit mis en réserve sous forme de glycogène musculaire ou de triglycérides dans les adipocytes. L'alimentation apporte des quantités significatives de galactose et de fructose. À l'état physiologique, c'est l'hépatocyte qui assure le métabolisme de ces glucides. Les autres tissus n'interviennent pratiquement pas.

Le galactose est transformé en galactose-1-phosphate par la galactokinase et se trouve orienté vers la formation d'UDP-galactose et donc d'UDP-glucose utilisé pour la synthèse de glycogène et d'autres glycoconjugués.

Le fructose est transformé en fructose-1-phosphate par la fructokinase. La fructose-1-phosphate aldolase le transforme en dihydroxyacétone phosphate et en glycéraldéhyde qui participent à la gluconéogenèse quand la fructose 1,6 bisphosphatase est activée, ce qui n'est pas le cas en période postprandiale (insulinémie-glucagonémie élevée).

B. Rôle privilégié de l'hépatocyte dans la régulation de la glycémie : sécrétion et fixation du glucose

L'hépatocyte est pratiquement le seul type cellulaire avec les cellules du cortex rénal à posséder une glucose-6-phosphatase qui hydrolyse le glucose-6-phosphate en acide phosphorique et en glucose qui est ensuite libérable dans la circulation. La glucose-6-phosphatase se localise dans les canalicules du réticulum endoplasmique. Le glucose-6-phosphate traverse la membrane du réticulum grâce à un transporteur spécifique de K_d assez élevé. Quand le glucose-6-phosphate est produit massivement, soit par glycogénolyse, soit par gluconéogenèse, sa concentration cytosolique devient suffisante pour lui permettre de passer dans le réticulum afin d'être hydrolysé en glucose qui est sécrété. Par ailleurs, l'hépatocyte exprime une glucokinase qui se caractérise par son affinité élevée pour le glucose et est très peu active pour de faibles concentrations intracellulaires en glucose.

En période d'hyperglycémie, cette concentration intracellulaire augmente et la glucokinase devient plus active. En phosphorylant le glucose, elle contribue à sa fixation en période d'hyperglycémie. Le glucose-6-phosphate formé ne peut pas sortir de la cellule et il est orienté vers la glycogénogenèse.

Il faut noter que si l'hépatocyte possédait une hexokinase analogue à celle des tissus périphériques, il fixerait activement le glucose, même pour des glycémies modérées. Enfin, nous avons vu que l'hépatocyte exprime GLUT2. L'influx et la sécrétion de glucose ne se font que pour des concentrations élevées en glucose. Cet ensemble de particularités – GLUT2, glucokinase, glucose-6-phosphatase – qui ne se retrouvent pas dans les autres tissus, permet à l'hépatocyte de jouer un rôle prépondérant dans la régulation de la glycémie. Certaines cellules du cortex rénal expriment également une glucose-6-phosphatase. Ce n'est qu'après un jeûne très prolongé (> 3 jours) que le rein contribue ainsi d'une manière très significative ($> 30\%$) au maintien de la glycémie en développant une intense gluconéogenèse. L'entérocyte, qui présente un certain nombre d'analogies métaboliques avec l'hépatocyte, possède également une glucose-6-phosphatase mais ne semble pas participer significativement au maintien de la glycémie.

III. Régulation des voies métaboliques contribuant au maintien de la glycémie

A. Régulation des voies métaboliques contribuant à la sécrétion de glucose dans la circulation sanguine (voir aussi la question sur le métabolisme du glycogène)

1. Glycogénolyse hépatique

La glycogène phosphorylase catalyse la *phosphorolyse* d'un résidu glucosyle $\alpha 1,4$ de l'extrémité non réductrice du glycogène avec libération de glucose-1-phos-

phate. Cette enzyme fonctionne comme une transglycosylase avec l'acide phosphorique comme accepteur. L'énergie de la liaison osidyle se trouve conservée dans la liaison glucosyl-1-phosphate permettant l'économie de l'ATP qui serait nécessaire pour activer le glucose en glucose-6-phosphate.

La glycogène phosphorylase est d'abord régulée par phosphorylation-déphosphorylation. La forme active, la phosphorylase a, est phosphorylée et la forme inactive, phosphorylase b, est déphosphorylée.

In vivo, la phosphorylation est réalisée uniquement par une kinase spécifique, la phosphorylase kinase. La phosphorylase kinase est elle-même activée soit par liaison avec le calcium sur sa sous-unité δ , soit par phosphorylation de ses sous-unités α et β par la protéine kinase A (AMPc-dépendante). Les stimulations hormonales qui provoquent une augmentation de la concentration en second messager AMPc ou Ca^{++} déclenchent donc la glycogénolyse. Dans l'hépatocyte, le glucagon joue un rôle prédominant dans le déclenchement de la glycogénolyse. Cette stimulation passe par l'activation de la protéine kinase A qui, à son tour, active la phosphorylase kinase. Cette cascade d'activation permet un effet amplificateur autorisant une réponse rapide face à un besoin en glucose. Les catécholamines, quoiqu'à un degré moindre, sont également activatrices de la glycogénolyse hépatique. L'effet des catécholamines peut être consécutif soit à leur liaison sur des récepteurs α -1 adrénergiques, soit sur des récepteurs β -adrénergiques.

Il faut noter que la régulation de la glycogène synthétase est contrôlée par le même mécanisme mais de manière opposée (forme phosphorylée inactive, forme déphosphorylée active) à celle de la glycogène phosphorylase. Glycogénolyse et glycogénogenèse ne peuvent dès lors avoir lieu en même temps et l'insuline, qui par un mécanisme complexe déclenche la déphosphorylation de la glycogène synthétase et de la glycogène phosphorylase, s'oppose à l'action du glucagon et oriente le flux métabolique vers la synthèse de glycogène.

À côté de la régulation de la glycogène phosphorylase par phosphorylation-déphosphorylation, cette enzyme peut également être modulée par allostérie : ainsi, le glucose se comporte comme un modulateur allostérique négatif de la glycogène phosphorylase a alors que le glucose-6-phosphate est un activateur allostérique de la glycogène synthase b (voir la question sur le glycogène). Dans l'hépatocyte, une augmentation de la concentration en glucose pendant une stimulation hyperglycémiant (insulinémie-glucagonémie faible) signifie que la gluconéogenèse est capable de satisfaire la demande en termes de sécrétion de glucose et qu'il est préférable d'interrompre la glycogénolyse. Grâce à cette régulation allostérique, la gluconéogenèse prend progressivement le relais de la glycogénolyse après quelques heures de jeûne.

2. Gluconéogenèse

Cette voie métabolique, essentiellement hépatocytaire et secondairement rénale, réalise la synthèse du glucose à partir de précurseurs glucoformateurs divers.

Le flux métabolique de cette voie dépend avant tout de la concentration intracellulaire et ainsi des apports sanguins au foie en substrats glucoformateurs (principalement l'alanine et le lactate, et accessoirement le glycérol et les autres acides aminés glucoformateurs), ainsi que de l'activité spécifique des enzymes de cette

voie : pyruvate carboxylase (PC), phosphoénol pyruvate carboxykinase (PEPCK), fructose 1,6 biphosphatase et glucose-6-phosphatase. L'activité néoglucogénique est également fonction de la concentration intracellulaire de ces enzymes. Les hormones hyperglycémiantes (glucagon, glucocorticoïdes...) induisent la synthèse de ces enzymes. Par opposition, l'insuline est l'hormone clé qui inhibe la gluconéogenèse en réprimant l'expression de la PEPCK et de la glucose-6-phosphatase. Par ailleurs, comme ces enzymes ont une demi-vie relativement brève, après quelques heures d'imprégnation hormonale, il se produit des variations très significatives de la concentration en enzymes et du flux métabolique. Il s'établit ainsi un cycle nycthémeral en fonction des périodes de jeûne interprandiales. D'autres enzymes contribuant à la transformation de substrats glucoformateurs comme les aminotransférases subissent ce même type de régulation.

a) Considérations métaboliques sur la gluconéogenèse

Dans la gluconéogenèse à partir du pyruvate, l'énorme différence d'énergie libre pour le passage du pyruvate au phosphoénolpyruvate impose une voie métabolique en deux étapes, la consommation de deux équivalents d'ATP et le transfert de métabolites entre le cytosol et la mitochondrie pour contourner l'étape correspondante de la glycolyse qui produit un ATP. La pyruvate carboxylase (PC), enzyme intramitochondriale à biotine, catalyse la fixation d'anhydride carbonique pour former l'oxaloacétate et consomme un ATP. Dans la seconde étape, la phosphoénolpyruvate carboxykinase (PEPCK), enzyme cytosolique, transforme l'oxaloacétate en PEP et en anhydride carbonique avec consommation de GTP. Or l'oxaloacétate, intermédiaire commun à ces deux réactions, ne peut pas traverser la membrane interne de la mitochondrie. Il doit être métabolisé en une autre molécule possédant un transporteur membranaire spécifique. Ainsi l'oxaloacétate peut être transformé :

- en malate par la malate deshydrogénase (MDH) mitochondriale avec consommation de NADH, H^+ . Le malate, qui possède un transporteur, passe dans le cytosol où une autre MDH assure la transformation inverse en reformant de l'oxaloacétate et du NADH, H^+ . Ce système de transport assure la fourniture par la mitochondrie de l'équivalent réducteur nécessaire pour l'incorporation des trois carbones dans la gluconéogenèse ;
- en aspartate par l'aspartate aminotransférase mitochondriale (ASAT). L'aspartate qui possède un transporteur passe dans le cytosol où une autre ASAT assure la transamination inverse en redonnant l'oxaloacétate pour la gluconéogenèse. Dans ce cas, le NADH, H^+ nécessaire doit être fourni par un autre moyen. L'aspartate ainsi transféré peut également se condenser dans le cytosol avec la citrulline pour former l'argininosuccinate. L'argininosuccinate lyase catalyse ensuite la coupure non hydrolytique de l'argininosuccinate avec formation d'arginine, destinée à l'uréogenèse, et de fumarate qui, par hydratation, conduit au malate transformé en oxaloacétate par la MDH avec formation de NADH, H^+ . L'oxaloacétate rejoint ainsi la gluconéogenèse en apportant les équivalents réducteurs indispensables. Dans les deux cas, la gluconéogenèse et l'uréogenèse sont associées, soit directement par l'aspartate qui fournit un NH_2 à l'uréogenèse, soit indirectement par le couple α -cétoglutarate-glutamate qui collecte les NH_2 des acides aminés et constitue un substrat important de l'uréogenèse.

Le *lactate* et l'*alanine* représentent les principaux substrats glucoformateurs. Ils proviennent des tissus périphériques (le muscle et le globule rouge en particulier) et assurent le transport au foie, soit des équivalents réducteurs de la glycolyse anaérobie (cycle de Cori), soit des groupements amines provenant du catabolisme des acides aminés. Dans le cytosol de l'hépatocyte, ils sont tous les deux transformés en pyruvate. Le lactate par la LDH assure la formation de NADH,H⁺ et apporte l'équivalent réducteur nécessaire pour son incorporation dans la gluconéogenèse. Dans le cas de l'alanine, c'est l'alanine aminotransférase (ALAT) qui la transforme en pyruvate, donc sans apport d'équivalent réducteur, mais en fournissant un équivalent NH₂ à l'uréogenèse. Le pyruvate ainsi formé diffuse dans la mitochondrie en servant de contre-transport pour la sortie des corps cétoniques qui sont produits en grande quantité en période de gluconéogenèse. Le pyruvate est transformé en oxaloacétate, comme nous l'avons décrit plus haut. Quand le pyruvate provient de la transamination de l'alanine, il est nécessaire de fournir au cytosol un équivalent réducteur pour la suite de la gluconéogenèse – l'oxaloacétate est transféré sous forme de malate. Quand le pyruvate provient du lactate, l'équivalent réducteur n'est pas nécessaire et l'oxaloacétate est transféré sous forme d'aspartate. Le lactate contribue donc à l'élimination de l'azote fourni par le catabolisme des acides aminés glucoformateurs autres que l'alanine.

Parmi les autres substrats glucoformateurs, signalons le *glycérol* qui est libéré par les adipocytes pendant la lipolyse en même temps que les acides gras non estérifiés. En effet, l'adipocyte ne possédant pas de glycérol kinase ne peut pas réutiliser le glycérol pour la synthèse du glycérol phosphate nécessaire pour former les triacylglycérols. Celui-ci doit provenir de la réduction de la dihydroxyacétone phosphate de la glycolyse. L'hépatocyte, qui possède une glycérol kinase, épure le glycérol du plasma, le transforme en glycérol phosphate qui est soit réduit par la glycérol phosphate déshydrogénase avec formation d'un NADH,H⁺ et de dihydroxyacétone phosphate qui rejoint la gluconéogenèse, soit directement utilisé pour la synthèse des triglycérides.

À l'état physiologique, le métabolisme du *fructose* est presque exclusivement hépatocytaire et rejoint la gluconéogenèse au niveau des trioses phosphates.

Le métabolisme des *acides aminés glucoformateurs* rejoint la gluconéogenèse soit par le pyruvate, soit par un des intermédiaires du cycle de Krebs, par exemple : l'alanine, la sérine et la cystéine forment du pyruvate ; l'aspartate de l'oxaloacétate ; le glutamate, l'ornithine et la proline de l' α -cétoglutarate, l'isoleucine et la valine du succinyl-CoA, la tyrosine et la phénylalanine du fumarate. Ces intermédiaires du cycle de Krebs se transforment ensuite en malate-oxaloacétate-aspartate. Toute voie anaplerotique, qui par définition fournit des intermédiaires au cycle de Krebs, participe à la gluconéogenèse à la condition que le nombre de carbones fournis à ce cycle soit supérieur au nombre de décarboxylations réalisées avant d'atteindre l'étape malate-oxaloacétate. C'est ainsi que dans le règne animal, l'*acétyl-CoA* n'est pas glucoformateur.

Enfin, il est très important de signaler que la gluconéogenèse implique un déplacement de l'équilibre malate-oxaloacétate dans le sens inverse de celui du cycle de Krebs. De plus, elle consomme l'oxaloacétate qui ainsi n'est plus disponible pour se condenser avec l'acétyl-CoA.

b) Bilan de la gluconéogenèse

À partir du pyruvate, on peut écrire :



À partir des autres substrats, il faut tenir compte du bilan énergétique de toutes les étapes avant d'atteindre le malate et éventuellement de l'énergie nécessaire pour éliminer l'azote.

La gluconéogenèse consomme de l'ATP qui provient essentiellement du catabolisme des acides gras. La transformation d'acyl-CoA en acétyl-CoA dans la mitochondrie produit un grand nombre de coenzymes réduits. L'hépatocyte étant régulièrement oxygéné, la chaîne respiratoire régénère des coenzymes oxydés et fournit les ATP nécessaires. L'acétyl-CoA ne pouvant pas être catabolisé dans le cycle de Krebs s'accumule et se trouve orienté vers la formation de corps cétoniques (acétoacétate et β -hydroxybutyrate). Gluconéogenèse et cétogenèse sont obligatoirement associées dans toutes les situations physiologiques et pathologiques.

c) Régulation de la gluconéogenèse (fig. 1)

La régulation de la gluconéogenèse hépatique s'effectue aux niveaux de quatre carrefours principaux : fructose-1,6-bisphosphatase 1 (FBPase1)/phosphofructokinase 1 (PFK1), pyruvate kinase, pyruvate carboxylase et pyruvate deshydrogénase. Dans le cytosol, la régulation la plus importante se trouve au niveau de la *fructose-1,6-bisphosphatase 1* (FBPase1) et de la *phosphofructokinase 1* (PFK1) qui catalysent la transformation de Fru 6-P en Fru 1,6-BiP et inversement. Il se forme ce qu'on appelle un « cycle futile » car si les deux enzymes fonctionnaient sans contrôle, on aboutirait à une consommation d'ATP sans utilité. Ces enzymes sont en fait parfaitement régulées par les mêmes modulateurs mais dans des sens opposés. Le principal niveau de contrôle est allostérique.

Comme dans tous les tissus, la charge énergétique pourrait théoriquement intervenir : la PFK1 est inhibée par une forte concentration en ATP et activée par une forte concentration en ADP et en AMP. Inversement, une forte concentration en ATP active la FBPase1 et une forte concentration en AMP l'inhibe. Toutefois, dans l'hépatocyte, la charge énergétique est remarquablement stable et cette régulation n'intervient que dans des cas exceptionnels.

Le modulateur allostérique principal est le fructose-2,6-bisphosphate (Fru 2,6-BiP), qui se comporte comme un modulateur positif de la PFK1 et négatif de la FBPase1.

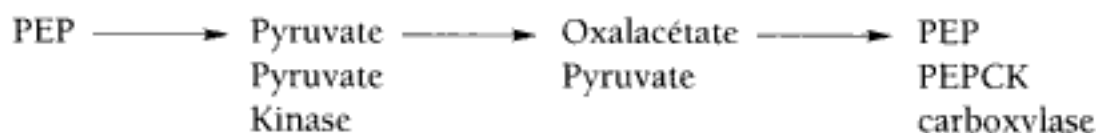
NB : ne pas confondre Fru 1,6-BiP et Fru 2,6-BiP. Le premier est un métabolite présent à concentration millimolaire. Le second est un modulateur allostérique présent à concentration micromolaire.

La présence de Fru 2,6-BiP exprime une abondance en glucose et entraîne, par modulation des activités enzymatiques, un arrêt de la gluconéogenèse et une possibilité de glycolyse. Inversement, son absence signifie un manque de glucose et provoque une stimulation de la gluconéogenèse et une inhibition de la glycolyse. Une concentration élevée en Fru 2,6-BiP porte donc un message inverse de celui du glucagon qui correspond à une stimulation hyperglycémiant pour répondre à

un manque de glucose. Cela s'explique par la régulation de la synthèse et de la dégradation du Fru 2,6-BiP. La synthèse du Fru 2,6-BiP est catalysée par une phosphofructokinase 2 (PFK2) (différente de la PFK1 de la glycolyse). Sa destruction est catalysée par une fructose biphosphatase 2 (FBPase 2) différente de la FDPase 1 de la gluconéogenèse. Chose assez rare, les deux activités enzymatiques sont portées par une même protéine. Cette protéine enzymatique est régulée par phosphorylation-déphosphorylation, selon un schéma classique, faisant intervenir la protéine kinase A (AMPc dépendante) et une phosphoprotéine phosphatase (PP). En présence d'AMPc, deuxième messenger du glucagon, la protéine kinase A est active et la PFK2-FBPase 2 phosphorylée (en fait l'isoforme hépatique) ne manifeste que son activité FBPase 2 – et hydrolyse le Fru 2,6-BiP. La levée de la modulation négative de la FBPase conduit à une stimulation de la gluconéogenèse. Le glucagon stimule donc la gluconéogenèse comme il stimule la glycogénolyse, par l'intermédiaire de la même protéine kinase A.

En absence de stimulation par le glucagon (rapport insuliniémie-glucagonémie élevé), la protéine kinase A est inactive, la PFK2-FBPase 2 est sous forme non phosphorylée et ne manifeste alors que son activité PFK2, ce qui entraîne la synthèse du Fru 2,6-BiP qui inhibe la FBPase 1 et, par voie de conséquence, la gluconéogenèse.

Le deuxième point de régulation de la gluconéogenèse est sous la dépendance de la pyruvate kinase qui transforme le PEP en pyruvate et qui doit absolument être inhibée en période de gluconéogenèse. En effet, l'équilibre glycéraldéhyde 3-phosphate \leftrightarrow 1,3 diphosphoglycérate \leftrightarrow 3-phosphoglycérate (3PG) est très défavorable à la gluconéogenèse puisqu'il présente une constante d'équilibre très en faveur de la formation de 3PG ($K_{eq} = 0,01$). Pour réaliser la gluconéogenèse, il faut alors une forte concentration en 3PG et une faible concentration en glycéraldéhyde 3-phosphate. La suite des réactions de cette voie métabolique, 3-P glycérate (3PG) \leftrightarrow 2-P glycérate (2PG) \leftrightarrow Phosphoénol pyruvate (PEP), est, elle, bien équilibrée. En période de gluconéogenèse, il faut une concentration élevée en phosphoénol pyruvate. Il importe alors de réguler le cycle futile :



Dans l'hépatocyte, l'isoforme L de la pyruvate kinase est phosphorylable par la protéine kinase A (activée par le glucagon). La forme phosphorylée de la pyruvate kinase correspond à la forme inactive de l'enzyme. Par ailleurs, la pyruvate kinase L est également régulable par allostérie : le modulateur positif est le Fru 1,6-BiP et les modulateurs négatifs sont le citrate, l'ATP et l'alanine. En période de gluconéogenèse, la pyruvate kinase est par conséquent inactive et le PEP sera dès lors transformé en 3-P glycérate puis en glycéraldéhyde 3-P.

Le troisième point de régulation de la gluconéogenèse est situé au niveau du carrefour du pyruvate. Dans la mitochondrie, le pyruvate est orienté soit vers la gluconéogenèse via la pyruvate carboxylase, soit vers l'oxydation via la pyruvate deshydrogénase. En situation de jeûne, la pyruvate carboxylase, première étape de la gluconéogenèse, est activée par allostérie alors que la pyruvate deshydrogénase est inhibée par une phosphorylation induite par des mécanismes d'allostérie.

Du fait de la β -oxydation des acides gras pendant le jeûne, l'acétyl-CoA s'accumule. C'est un modulateur allostérique positif de la *pyruvate carboxylase*. De fortes concentrations mitochondriales en acétyl-CoA, en ATP et en NADH,H⁺, témoignent d'un catabolisme abondant d'acyl-CoA, condition indispensable pour fournir l'énergie et les équivalents réducteurs à la gluconéogenèse. Ces trois molécules se comportent par ailleurs comme des modulateurs allostériques positifs de la pyruvate déshydrogénase kinase, enzyme responsable de la phosphorylation de la pyruvate déshydrogénase. La forme phosphorylée de la PDH est inactive. Dans les situations d'hyperglycémie sous l'influence de l'insuline, la lipolyse et la β -oxydation sont freinées, la concentration intramitochondriale en acétyl-CoA, ATP et NADH,H⁺ chute. Par conséquent, la pyruvate carboxylase n'est plus activée et la pyruvate déshydrogénase déphosphorylée n'est plus verrouillée. Le glucose est alors oxydé au travers du cycle de Krebs via le pyruvate.

Enfin, l'*isocitrate déshydrogénase* peut également participer à la régulation de la gluconéogenèse. Cette enzyme du cycle de Krebs, qui transforme l'isocitrate en α -cétoglutarate (première étape de décarboxylation), est inhibée par de fortes concentrations en ATP et en NADH,H⁺. En période de gluconéogenèse, ces deux coenzymes doivent être fournies en grande quantité par la mitochondrie. L'inhibition de cette étape provoque une accumulation de citrate et d'oxalacétate, qui peuvent ainsi s'orienter vers la gluconéogenèse, ainsi que d'acétyl-CoA qui s'oriente vers la cétogenèse. Malgré l'inhibition de l'isocitrate déshydrogénase, les étapes du cycle de Krebs entre l' α -cétoglutarate et le malate restent parfaitement fonctionnelles et peuvent ainsi orienter les substrats glucoformateurs vers le malate-oxaloacétate-aspartate.

Indépendamment de ces mécanismes de régulation immédiate (allostérie, phosphorylation-déphosphorylation), la gluconéogenèse est également régulée à long terme par des mécanismes de régulation transcriptionnelle par des hormones. Le glucagon et les glucocorticoïdes induisent la biosynthèse des enzymes spécifiques de la gluconéogenèse : pyruvate carboxylase (PC), phosphoénol pyruvate carboxykinase (PEPCK), fructose-1,6-bisphosphatase, glucose-6-phosphatase, ce qui provoque une augmentation de la concentration des enzymes dans l'hépatocyte, et ainsi de leur activité spécifique (nombre de molécules de substrat transformées par minute et par milligramme de protéines). L'insuline s'oppose à ce phénomène. Ce contrôle de la synthèse de ces enzymes ne se manifeste qu'après un délai de plusieurs heures, voire de plusieurs jours. Il agit dans le même sens que les effets rapides de ces hormones et les consolide.

B. Régulation des voies métaboliques consommant le glucose prélevé dans la circulation sanguine

1. Glycolyse des tissus périphériques

a) Considérations métaboliques

La plupart des tissus prélèvent dans la circulation le glucose dont ils ont besoin pour assurer leur couverture énergétique. Toutefois, il faut bien considérer deux

types de tissus : les tissus glucodépendants, d'une part, pour lesquels le glucose est la source quasi exclusive d'énergie, et qui par ailleurs sont caractérisés par une consommation régulière et continue de glucose. Dans la majorité de ces tissus, le nombre de transporteurs de glucose insérés dans la membrane est suffisant pour assurer l'influx de glucose nécessaire et celui-ci n'est pas modifié par la présence d'insuline. Ces tissus sont dits « insulino-indépendants pour le glucose. » Ils sont très sensibles à l'hypo- ou l'hyperglycémie. C'est le cas en tout premier lieu du cerveau, mais également celui des hématies, des leucocytes, de la médulla rénale, de la rétine... Dans ces tissus, il n'y a pas à proprement parler de régulation du flux glycolytique. D'autre part, d'autres tissus peuvent certes utiliser le glucose, mais aussi d'autres sources énergétiques, et plus précisément les acides gras. Les deux tissus périphériques les plus importants de ce groupe, en termes de prélèvement de glucose – le tissu adipeux et le muscle squelettique – ne peuvent prélever du glucose que lorsque la production d'insuline est suffisante et, dès lors, essentiellement en période postprandiale. En effet, ces tissus sont insulindépendants pour le glucose, comme nous l'avons vu précédemment. Dans ces cellules, l'insuline contrôle l'influx de glucose et par là même les possibilités de glycolyse.

b) Régulation de la glycolyse (fig. 1)

En fonction de ce qui vient d'être dit, la régulation de la glycolyse n'est envisagée que pour le tissu adipeux et le muscle squelettique.

Dans les tissus périphériques, la possibilité de glycolyse dépend en premier lieu de la disponibilité en glucose-6-P. Au niveau du muscle, celui-ci provient essentiellement de la glycogénolyse. Ainsi, dans un muscle squelettique, l'élévation de la concentration en calcium du cytosol (de 10^{-7} à 10^{-5} mol/L) déclenche en même temps la contraction musculaire qui consomme de l'ATP et la glycogénolyse qui apporte le glucose-6-P à la glycolyse. Dans le premier phénomène, le calcium se fixe sur la troponine C, ce qui lève l'inhibition par la troponine I et permet l'activité ATPasique de la myosine, ce qui déclenche la contraction. Dans le second phénomène, le calcium qui se fixe sur la sous-unité delta (calmoduline) de la phosphorylase kinase, l'active. Cette dernière, en phosphorylant la glycogène phosphorylase, l'active et déclenche la glycogénolyse avec libération de glucose-1-P. Ce dernier est isomérisé en glucose-6-P par la phosphohexomutase (réaction équilibrée). Le glucose-6-P ainsi formé est disponible pour la glycolyse à un moment où il est urgent de remplacer l'ATP consommé.

Au niveau du tissu adipeux, le glucose-6-P provient essentiellement de l'influx du glucose dans la cellule en période postprandiale.

Dans le muscle, comme dans le tissu adipeux, il n'existe qu'une seule étape de régulation. Il s'agit de la transformation de Fru 6-P en Fru 1,6-BiP catalysée par la phosphofructose kinase 1 (PFK1). La régulation allostérique de la PFK1 contrôle parfaitement la glycolyse en fonction des besoins en énergie.

Plusieurs modulateurs allostériques peuvent intervenir. Le premier type de modulation fait intervenir les nucléotides phosphates et la charge énergétique. Cette modulation est la plus importante au niveau du muscle. La PFK1 est modulée négativement par l'ATP et positivement par l'ADP et l'AMP. Cela revient à dire que c'est la concentration locale en ATP ou en ADP qui contrôle l'activité de la PFK1 et par là l'intensité de la glycolyse, ce qui a pour objectif de maintenir la concentration en ATP à un niveau satisfaisant.

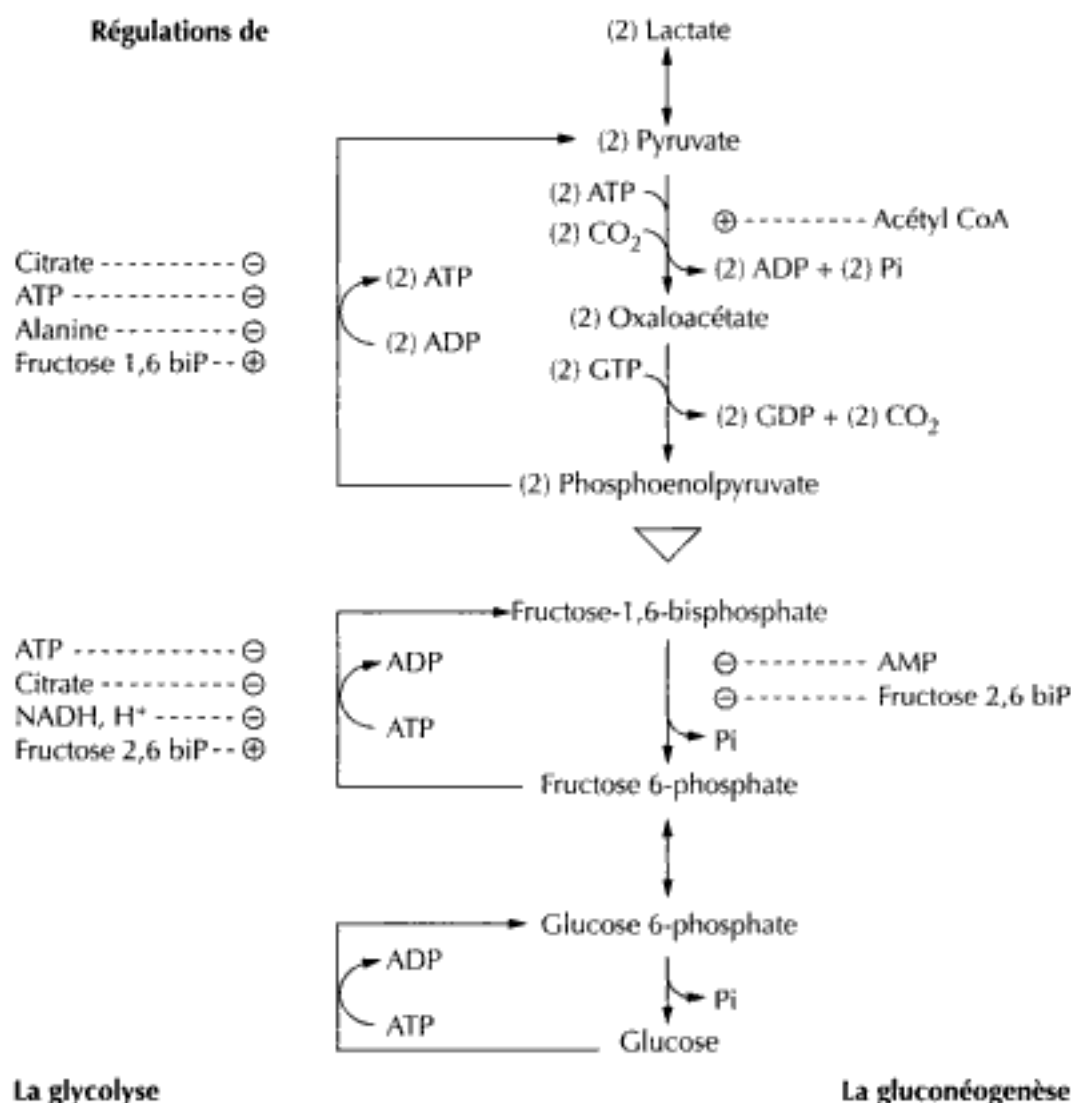


Figure 1. Régulation de la gluconéogenèse et de la glycolyse

Dans un muscle au repos, la concentration en ATP fournie par la mitochondrie est suffisante pour inhiber la PFK1 et limiter la glycolyse. La contraction musculaire est associée à une hydrolyse de l'ATP en ADP, ce qui provoque la diminution de la charge énergétique et, automatiquement, l'activation de la PFK1, et ainsi de la glycolyse. La glycolyse anaérobie produit deux ATP par glucose et permet de répondre à un besoin urgent en ATP en début d'effort musculaire.

Cette même régulation de la PFK 1 explique pourquoi les acides gras sont métabolisés en priorité dans les cellules musculaires. Les acides gras non estérifiés sont absorbés en fonction de leur concentration plasmatique, puis sont oxydés dans la mitochondrie avec formation de coenzymes réduits qui approvisionnent la chaîne respiratoire. La grande quantité d'ATP fournie (129 ATP par palmitate) inhibe la PFK1, et ainsi la glycolyse. Cette glycolyse a pour rôle de compléter l'apport en ATP de la mitochondrie pour le maintien de la charge énergétique du cytosol à un niveau optimal. Occasionnellement, elle compense instantanément un manque de cet apport d'ATP mitochondrial. Par exemple, au début d'un effort musculaire, la glycolyse fournit instantanément l'ATP nécessaire en attendant que l'accélération de la circulation sanguine apporte suffisamment d'oxygène aux mitochondries qui peuvent alors fournir, à partir du catabolisme des acides gras, l'essentiel de l'ATP nécessaire pour un effort plus prolongé.

Par ailleurs, quand un tissu se trouve en anaérobiose, la chaîne respiratoire ne peut plus fonctionner et la fourniture d'ATP est interrompue. Automatiquement, la PFK1 est activée et la glycolyse accélérée. Cela explique l'augmentation de la consommation de glucose par une cellule placée en anaérobiose : effet Pasteur.

Si la charge énergétique constitue l'essentiel de la régulation de la PFK1 dans le muscle, il convient cependant d'évoquer d'autres possibilités. De façon complémentaire, dans le muscle, le citrate se comporte comme un inhibiteur allostérique de la PFK1, et le fructose-2,6-bisphosphate comme un activateur allostérique de cette même enzyme. Cette dernière régulation ne semble pas essentielle au niveau musculaire. Dans cet organe comme dans le foie, la concentration de fructose-2,6-bisphosphate est modulée par les activités respectives de la PFK2 et de la fructose bisphosphatase 2. Cependant, dans cet organe, et par opposition avec ce que nous avons dit sur le foie, la forme phosphorylée de ce complexe enzymatique stimule l'activité PFK2, expliquant ainsi qu'en présence de catécholamines (exercice musculaire) la glycolyse soit activée.

La PFK1 musculaire est également directement activée par la fixation de Ca^{2+} dont la concentration cytosolique est augmentée en cas d'exercice musculaire.

Dans le tissu adipeux, la régulation de la glycolyse au niveau de la PFK1 est comparable à celle du foie avec un rôle activateur essentiel joué par le Fru 2-6 BiP (voir « Régulation de la gluconéogenèse dans le foie »). En présence d'insuline, la pénétration de glucose est largement induite, et l'état non phosphorylé du complexe PFK2-FBPase 2, comme dans le foie, favorise l'activité kinase, ce qui augmente la quantité de Fru 2-BiP et stimule l'activité de la PFK1 et la glycolyse. Par ailleurs, également comme dans le foie, le citrate se comporte comme un inhibiteur allostérique de la PFK1.

En outre, les hormones contrôlent la synthèse des enzymes de la glycolyse (hexokinase, PFK1, pyruvate kinase notamment). Par exemple, les glucocorticoïdes inhibent leur synthèse et donc, après quelques heures, limitent la glycolyse. L'insuline s'oppose à cet effet et par conséquent favorise la consommation de glucose. Cela explique les effets à long terme de ces hormones.

c) Glycogénogenèse hépatique

Un rapport insulémie-glucagonémie élevé active la glycogène synthétase et inhibe la glycogène phosphorylase, conséquence d'une déphosphorylation des enzymes. Compte tenu des caractéristiques de GLUT2 et la glucokinase précédemment énoncées, la glycogénogenèse n'est significative qu'en situation d'hyperglycémie. En prélevant du glucose de la circulation sanguine, les hépatocytes contribuent alors à limiter l'hyperglycémie postprandiale.

d) Glycogénogenèse musculaire

Pendant la période postprandiale et en l'absence d'exercice physique, elle contribue également à rétablir la glycémie à son taux basal. Les nutriments absorbés par l'intestin et déversés dans la veine cave doivent obligatoirement passer par le foie avant d'accéder aux tissus périphériques. C'est pourquoi la mise en réserve de glucose sous forme de glycogène se fait en priorité par les hépatocytes, les tissus musculaires n'assurant qu'un complément. L'hyperinsulinisme relatif en période postprandiale provoque la translocation de GLUT4 vers la membrane plasmique des cellules musculaires. L'influx important de glucose contribue efficacement à la

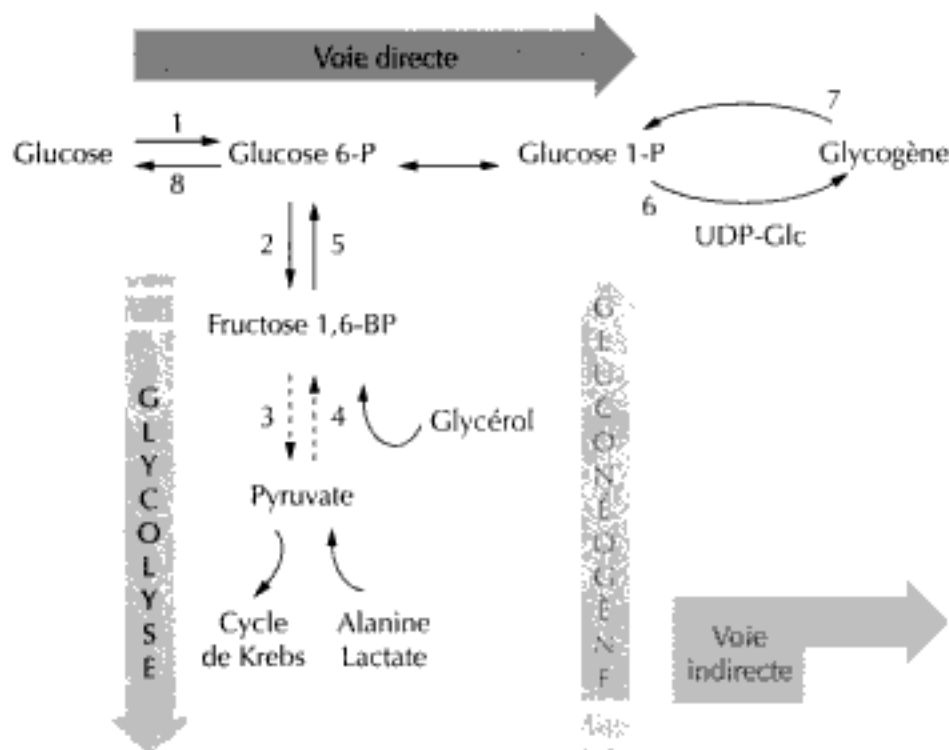


Figure 2. Les étapes clés du métabolisme du glucose dans l'hépatocyte :

1. glucokinase ; 2. phosphofructokinase 1 ; 3. pyruvate kinase ;
4. pyruvate carboxylase ; 5. fructose-1,6-bisphosphatase ; 6. glycogène synthase ;
7. glycogène phosphorylase ; 8. glucose-6-phosphatase

normalisation de la glycémie. Compte tenu de la masse importante du tissu musculaire, l'intervention de cette glycogénogenèse, bien que complémentaire, est très significative.

e) Glycogénolyse musculaire

Elle ne contribue pas directement au maintien de la glycémie car les tissus périphériques ne possèdent pas de glucose-6-phosphatase. En fournissant très rapidement le glucose-6-phosphate nécessaire à la glycolyse, elle limite pendant un bref délai les prélèvements de glucose dans la circulation sanguine.

La glycogène phosphorylase est phosphorylée par la phosphorylase kinase activée sous l'effet de l'augmentation de la concentration en calcium nécessaire pour le déclenchement de la contraction musculaire. Les catécholamines, par l'intermédiaire des récepteurs β adrénergiques, entraînent une augmentation de la concentration en AMPc. La protéine kinase A activée phosphoryle les sous-unités α et β de la phosphorylase kinase, qui devient plus sensible au calcium.

La totalité du glycogène musculaire représente une réserve de 100 à 150 g selon l'état nutritionnel et l'entraînement. Lors d'un effort violent, les besoins en glucose peuvent atteindre 5 g/minute. Toutefois, l'utilisation de cette réserve se trouve limitée par le fait que, par manque de glucose-6-phosphatase, le glycogène n'est utilisable que localement, cellule par cellule. Avant l'épuisement du glycogène musculaire, c'est l'influx de glucose sanguin qui doit prendre rapidement le relais et la glycogénolyse hépatique doit maintenir la glycémie car la totalité du glucose extracellulaire ne représente qu'environ 15 g. Quand l'effort se prolonge, le métabolisme des acides gras doit fournir l'énergie nécessaire.

IV. Régulations hormonales de la glycémie

La régulation de la glycémie se réalise constamment par l'action opposée des hormones hypo- et hyperglycémiantes. Les variations du rapport des concentrations sanguines de ces hormones antagonistes adaptent ces régulations aux besoins de l'organisme.

A. Hormones hypoglycémiantes

1. Insuline

L'insuline est la seule hormone hypoglycémiant majeure. Du fait de ses variations de concentration sanguine, elle joue un rôle prédominant en s'opposant aux effets de toutes les hormones hyperglycémiantes. Toutes les cellules expriment dans leur membrane le récepteur de l'insuline qui appartient à la famille des récepteurs à tyrosine kinase. La fixation de l'insuline sur la sous-unité α extracellulaire lève l'inhibition de l'activité tyrosine kinase localisée dans la partie intracellulaire de la sous-unité β . L'autophosphorylation du récepteur stabilise la forme active de la tyrosine kinase et lance la transduction du signal insuline dans la cellule.

Le plus souvent, les enzymes régulées par l'insuline dans les métabolismes concernés se trouvent déphosphorylées lors de l'activation de leur récepteur par des mécanismes de transduction assez complexes. Certaines de ces régulations se manifestent en quelques secondes (augmentation de l'influx de glucose dans les cellules insulino-dépendantes), d'autres en quelques minutes (activation de la glycogène synthétase et de l'acétyl-CoA carboxylase, inactivation de la glycogène phosphorylase, de la lipase hormonosensible des adipocytes). Enfin, d'autres régulations comme celle de la synthèse des protéines, notamment de certaines enzymes, se manifestent au bout de quelques heures. La plupart des activités de l'insuline contribuent directement ou indirectement à provoquer une hypoglycémie :

- stimule la capture du glucose circulant dans les tissus insulino-dépendants ;
- inhibe l'expression (la synthèse) des enzymes spécifiques de la gluconéogenèse hépatocytaire ;
- induit l'expression des enzymes de la glycolyse ;
- stimule la glycogénogenèse hépatocytaire et périphérique.

De plus, l'insuline est le principal verrou de la lipolyse (hydrolyse du triacylglycérol en glycérol et acides gras) dans les adipocytes, avec pour conséquence l'arrêt de la sécrétion d'acides gras (substrats énergétiques) et de glycérol (substrat glucoformateur). Par ailleurs, l'activation de l'acétyl CoA carboxylase des adipocytes stimule la synthèse des acides gras qui sont orientés vers la mise en réserve sous forme de triacylglycérol. Dans l'hépatocyte, sous l'influence de l'insuline, la forte concentration en malonyl-CoA produit par l'acétyl-CoA carboxylase, inhibe la carnitine palmitoyl transférase 1 (CPT1). Les acylCoA ne peuvent plus pénétrer dans la mitochondrie et le catabolisme des acides gras est alors interrompu. Cela explique l'effet anticétogène de l'insuline.

2. Insuline like growth factor (igf-i – somatomédine c)

Ce facteur de croissance, sécrété par le foie, se lie à un récepteur de type tyrosine kinase de structure très voisine de celle du récepteur de l'insuline. À l'état physiologique, la sécrétion de l'IGF-I par le foie, bien qu'importante (concentration sanguine de 0,1 à 1 mg/L dès lors plusieurs centaines de fois supérieure à celle de l'insuline), a toutefois un impact très restreint sur la régulation de la glycémie.

B. Hormones hyperglycémiantes

1. Glucagon

Il joue un rôle prépondérant dans la régulation de la glycémie. Son action s'exerce massivement sur l'hépatocyte qui exprime un grand nombre de récepteurs membranaires pour cette hormone. L'action du glucagon sur les tissus périphériques est beaucoup plus limitée et plus sélective.

Le récepteur du glucagon est de la famille des récepteurs, couplée aux protéines G hétérotrimériques. La liaison de l'hormone à son récepteur provoque l'activation d'une adénylate cyclase, l'augmentation de la concentration en AMPc et l'activation de la protéine kinase A. La phosphorylation de très nombreuses enzymes par cette protéine kinase réalise une régulation coordonnée des différents métabolismes pour aboutir à une augmentation de la glycémie.

Ainsi, l'activation de la glycogène phosphorylase et l'inhibition de la glycogène synthétase hépatocytaire stimule la glycogénolyse et la sécrétion rapide de glucose grâce à la glucose-6-phosphatase.

Par ailleurs, dans le foie, l'inhibition allostérique de la pyruvate kinase isoforme L et la levée de l'inhibition de la fructose-1,6-bisphosphatase par la diminution de la concentration en fructose-2,6-biphosphate induite par le glucagon stimule la gluconéogenèse.

Enfin, l'inhibition de l'acétyl-CoA carboxylase entraîne la diminution de la concentration en malonyl-CoA et la levée de l'inhibition de la CPT1. Les acylCoA sont ainsi orientés vers la mitochondrie et le catabolisme des acides gras, avec production de coenzymes réduits et d'ATP nécessaires pour la gluconéogenèse. L'acétyl-CoA produit en grande quantité ne peut dans ces conditions physiologiques être catabolisé dans le cycle de Krebs, d'où une céto-genèse accrue. Ces corps cétoniques sécrétés par l'hépatocyte sont une source d'énergie consommée en priorité par certains tissus périphériques qui ne peuvent utiliser les acides gras et limitent ainsi les besoins en glucose.

L'activation de la lipase hormonosensible des adipocytes stimule la sécrétion d'acides gras non estérifiés. Les acides gras disponibles en grande quantité sont catabolisés en priorité par les tissus musculaires limitant ainsi la glycolyse et les besoins en glucose. L'excès d'acides gras est capturé par les hépatocytes qui les catabolisent.

2. Glucocorticoïdes

Ils induisent la synthèse des enzymes spécifiques de la gluconéogenèse, ce qui explique leurs effets secondaires « diabétogènes ». L'insuline s'oppose à cette induction. Par ailleurs, les glucocorticoïdes contribuent très activement à la mobilisation rapide des substrats glucoformateurs provenant du catabolisme de constituants, surtout protéiques, des tissus périphériques (amaigrissement pendant un jeûne prolongé, diabète insulino-dépendant insuffisamment traité...).

3. Catécholamines

Elles agissent surtout sur les tissus périphériques. Tous les tissus qui expriment des récepteurs β adrénergiques (récepteurs couplés aux protéines G hétérotrimériques) répondent aux catécholamines par une augmentation de la concentration intracellulaire en AMPc et l'activation de la protéine kinase A. Cela se traduit surtout par une glycogénolyse fournissant localement du glucose-6-phosphate pour la glycolyse. Pendant la contraction musculaire, cette stimulation renforce les mécanismes calcium-dépendants et contribue à la fourniture rapide de l'énergie nécessaire.

D'autres hormones, comme la vasopressine ou l'angiotensine II, entraînent une élévation de la concentration intracellulaire en calcium et pourraient ainsi intervenir dans la régulation de la glycémie. L'hormone de croissance (GH), pour sa part, exerce des effets hyperglycémiques : elle active la gluconéogenèse hépatique et réduit la glycolyse musculaire.

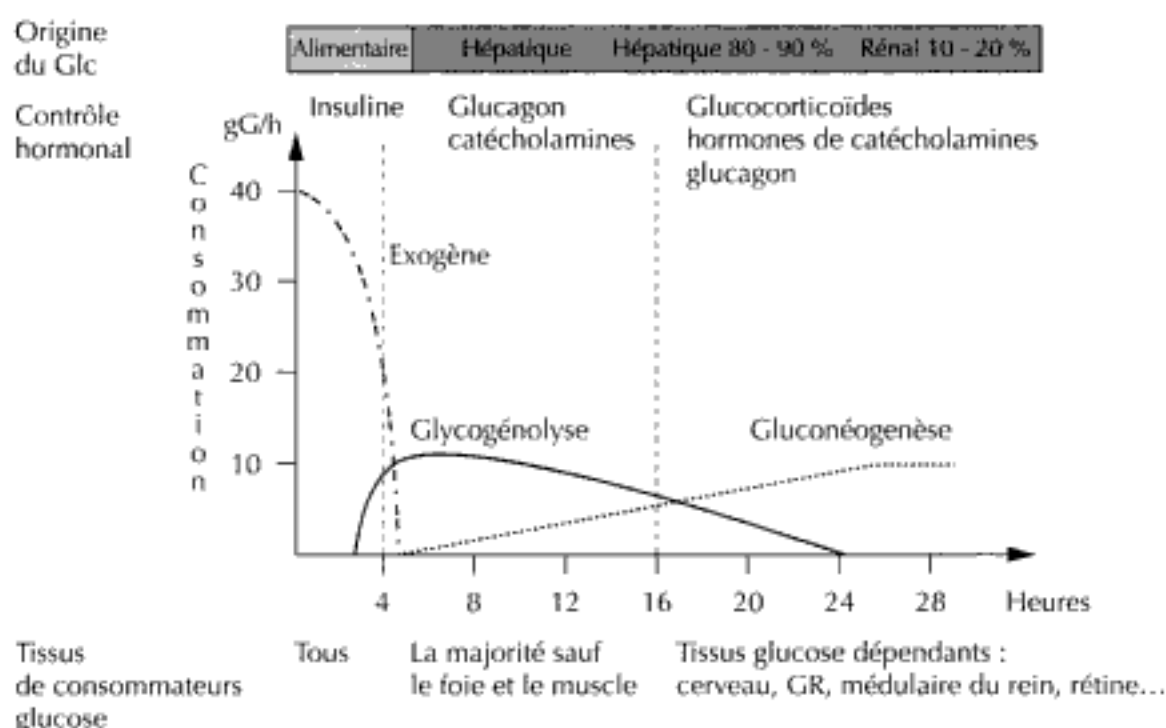


Figure 3. Mécanismes de régulation de la glycémie après un repas et au cours du jeûne

V. Régulations des sécrétions hormonales participant à la régulation de la glycémie

A. Régulation hyperglycémiante

Le principal mécanisme identifié implique des neurones du système nerveux central, plus précisément de l'hypothalamus. Ces cellules se comportent comme des senseurs de la glycémie. Elles expriment le transporteur GLUT4 et sont donc insulinodépendantes pour l'influx de glucose. Elles réagissent par conséquent soit à un hypoinsulinisme, soit à une hypoglycémie. Pour les centres régulateurs insulino-insensibles, ce défaut de glucose intracellulaire est ressenti comme la conséquence d'une hypoglycémie et déclenche au niveau de l'hypothalamus une sécrétion de divers *releasing factors* à l'origine d'une réaction hyperglycémiante, soit directement, soit indirectement, par l'intermédiaire de l'antéhypophyse.

La plupart des sécrétions endocriniennes se trouvent augmentées : glucagon, catécholamines, cortisol, ACTH, hormone de croissance, etc., modifiant l'état de stimulation des métabolismes des différents tissus.

Toutefois, dans le cas du glucagon, un contrôle local de la sécrétion par les cellules α du pancréas directement réalisé par le glucose ou indirectement par le biais de l'insuline est également envisagé par certains auteurs.

B. Réaction hypoglycémiante

À l'état physiologique, c'est l'hyperglycémie qui déclenche la sécrétion d'insuline par les cellules β des îlots de Langerhans. L'insuline sécrétée contribue par son action à la normalisation de la glycémie.

Les cellules β des îlots de Langerhans expriment la glucokinase et GLUT2 comme dans les hépatocytes. Du fait de l'affinité élevée de cette enzyme pour le glucose et du k_d élevé de ce transporteur, la glycolyse des cellules β est faible en normoglycémie et augmente très significativement en période d'hyperglycémie. Dès lors, le métabolisme du glucose dans les cellules β régule la sécrétion de l'insuline. Par ailleurs, des mécanismes calcium-dépendants pourraient également intervenir.

La sécrétion d'insuline par les cellules β se réalise par exocytose de granulations lors d'une stimulation hyperglycémiante.

Hidden page

Réactions générales du catabolisme des acides aminés

J.-P. DE BANDT, L. CYNOBER¹

Laboratoire de biochimie, Hôtel-Dieu, AP-HP, Paris.

Laboratoire de biologie de la nutrition, EA 2498, UFR de pharmacie,
Paris-V.

I. Réactions intéressant la fonction amine

- A.** Réaction de transamination
- B.** Synthèse et dégradation des amides d'acides aminés
- C.** Réaction de désamination oxydative
- D.** Destinée finale du groupement aminé

II. Réactions de décarboxylation

III. Métabolisme du squelette carboné

IV. Régulation des processus généraux de synthèse et de dégradation des acides aminés

- A.** Contrôle par la disponibilité en substrats
- B.** Contrôle hormonal

1. Pour toute question relative à ce chapitre : luc.cynober@hd.aphp.fr.

Les acides aminés sont des molécules caractérisées par la présence d'un groupement aminé en position α d'un groupement carboxylique, chaque acide aminé se distinguant des autres par la structure de son radical (aliphatique, cyclique, etc.). Il existe deux groupes d'acides aminés, déterminés par la capacité de l'organisme humain à les synthétiser ou non. Neuf acides aminés (leucine, isoleucine, valine, thréonine, phénylalanine, tryptophane, lysine, méthionine et histidine) ne peuvent être synthétisés par l'homme. Ils sont appelés « acides aminés essentiels » ou « indispensables ». L'histidine a longtemps été considérée comme un acide aminé non essentiel. En réalité, son pool associé à l'hémoglobine (labile en fonction de la durée de vie des hématies) masque son essentialité. Cette notion d'acide aminé « essentiel » doit cependant être modulée, puisqu'il faut distinguer deux sous-groupes : les acides aminés indispensables dont la synthèse, même partielle, est impossible (lysine et thréonine), et ceux pour lesquels seul le squelette carboné ne peut être synthétisé, la réversibilité des processus de transamination permettant leur synthèse si les acides α -cétoniques correspondants sont fournis. En effet, comme nous l'envisagerons, il existe *in vivo* une retransamination des acides α -cétoniques à chaîne ramifiée (α -cétoisocaproate, α -cétométhylvalérate, α -cétoisovalérate) en acides aminés à chaîne ramifiée mais elle est quantitativement faible (9 % de la leucine métabolisée au niveau du muscle chez l'homme à jeun). Cette possibilité de retransamination *in vivo* a été exploitée en thérapeutique : l'administration d' α -cétoisocaproate permet, chez l'insuffisant rénal, d'apporter de la leucine tout en prélevant dans l'organisme l'azote mal épuré.

De même, le caractère non essentiel des autres acides aminés demande à être précisé. En effet, l'essentialité de ces molécules a été définie à partir des besoins évalués chez l'adulte sain alimenté par voie orale. Or, il existe un certain nombre de situations au cours desquelles un apport exogène devient nécessaire, la synthèse endogène étant insuffisante par rapport aux besoins. C'est le cas de l'arginine chez le jeune enfant en croissance ou chez le patient agressé, de la glutamine chez le malade agressé ou encore de la sérine, de la tyrosine et de l'arginine au cours de l'insuffisance rénale chronique. Ces acides aminés sont ainsi parfois appelés « semi-essentiels » ou « conditionnellement essentiels ».

En dehors des synthèses protéiques, les acides aminés sont impliqués dans différentes réactions participant à d'importants processus physiologiques : homéostasie azotée, équilibre acidobasique, métabolisme énergétique, synthèse d'hormones et de médiateurs.

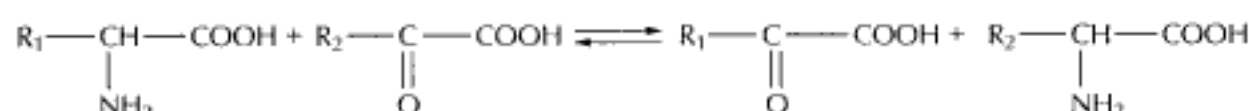
En tenant compte de la structure de ces molécules, on peut distinguer trois types de réactions :

- celles qui mettent en jeu le groupement aminé. Il s'agit des réactions de transamination, de désamination et d'amination qui toutes contribuent à l'homéostasie azotée : dégradation et/ou synthèse d'acides aminés, élimination de l'azote par l'uréogénèse et l'ammoniogénèse ;
- celles qui mettent en jeu le groupement carboxylique : les réactions de décarboxylation conduisant à la formation d'amines ;
- enfin, celles qui intéressent la chaîne carbonée de la molécule et qui, en dehors de voies métaboliques propres à chaque acide aminé, participent au métabolisme énergétique (oxydation, néoglucogénèse, cétogénèse).

I. Réactions intéressant la fonction amine

A. Réaction de transamination

Il s'agit d'une réaction générale, tout à fait ubiquitaire. C'est à la fois une réaction de synthèse et de dégradation puisque, par définition, il s'agit du transfert réversible du groupement aminé d'un acide aminé (qui devient un acide α -cétonique) sur un acide α -cétonique conduisant à la synthèse d'un autre acide aminé.

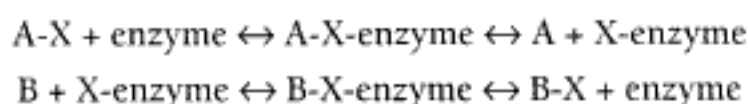


La constante d'équilibre de la réaction étant voisine de 1, celle-ci est totalement réversible, en fonction des concentrations relatives des différentes molécules concernées. Ainsi, la transamination d'un acide aminé donné peut être une réaction de synthèse dans un organe et de dégradation dans un autre. C'est le cas de l'alanine, provenant du pyruvate dans le muscle et redonnant du pyruvate (pour former du glucose) dans le foie.

La plupart des acides aminés peuvent, à un stade quelconque de leur métabolisme, être des donneurs de NH_2 dans les processus de transamination. Pour certains, il s'agit d'une réaction majeure (aspartate). Parfois, c'est la seule voie possible permettant d'initier le catabolisme (alanine, acides aminés à chaîne ramifiée). Pour d'autres, la réaction est tout à fait secondaire (histidine, tryptophane).

1. Mécanismes de la réaction

Cette réaction est catalysée par des enzymes, les transaminases ou aminotransférases, spécifiques d'un couple acide aminé-acide α -cétonique. Ces enzymes possèdent toutes le même coenzyme : le phosphate de pyridoxal. Au cours de la réaction, le phosphate de pyridoxal est lié sous la forme d'une imine à un radical lysine de l'enzyme. La transamination est une réaction bimoléculaire de type ping-pong :



La réaction se décompose donc en deux étapes : tout d'abord désamination oxydative d'un acide aminé, puis amination réductrice d'un acide α -cétonique. Au cours du cycle catalytique, l'acide aminé se lie au phosphate de pyridoxal pour former transitoirement un intermédiaire qui est une base de Schiff. Cet intermédiaire subit une hydrolyse en acide α -cétonique et phosphate de pyridoxamine. La réaction est rendue possible grâce à la délocalisation des électrons de la liaison de l'hydrogène sur le carbone- α dans le cycle pyridinium. Dans un deuxième temps, un acide α -cétonique se lie au phosphate de pyridoxamine et est hydrolysé en acide aminé et phosphate de pyridoxal (fig. 1). Une réaction de transamination est donc définie par le couple acide aminé-acide α -cétonique.

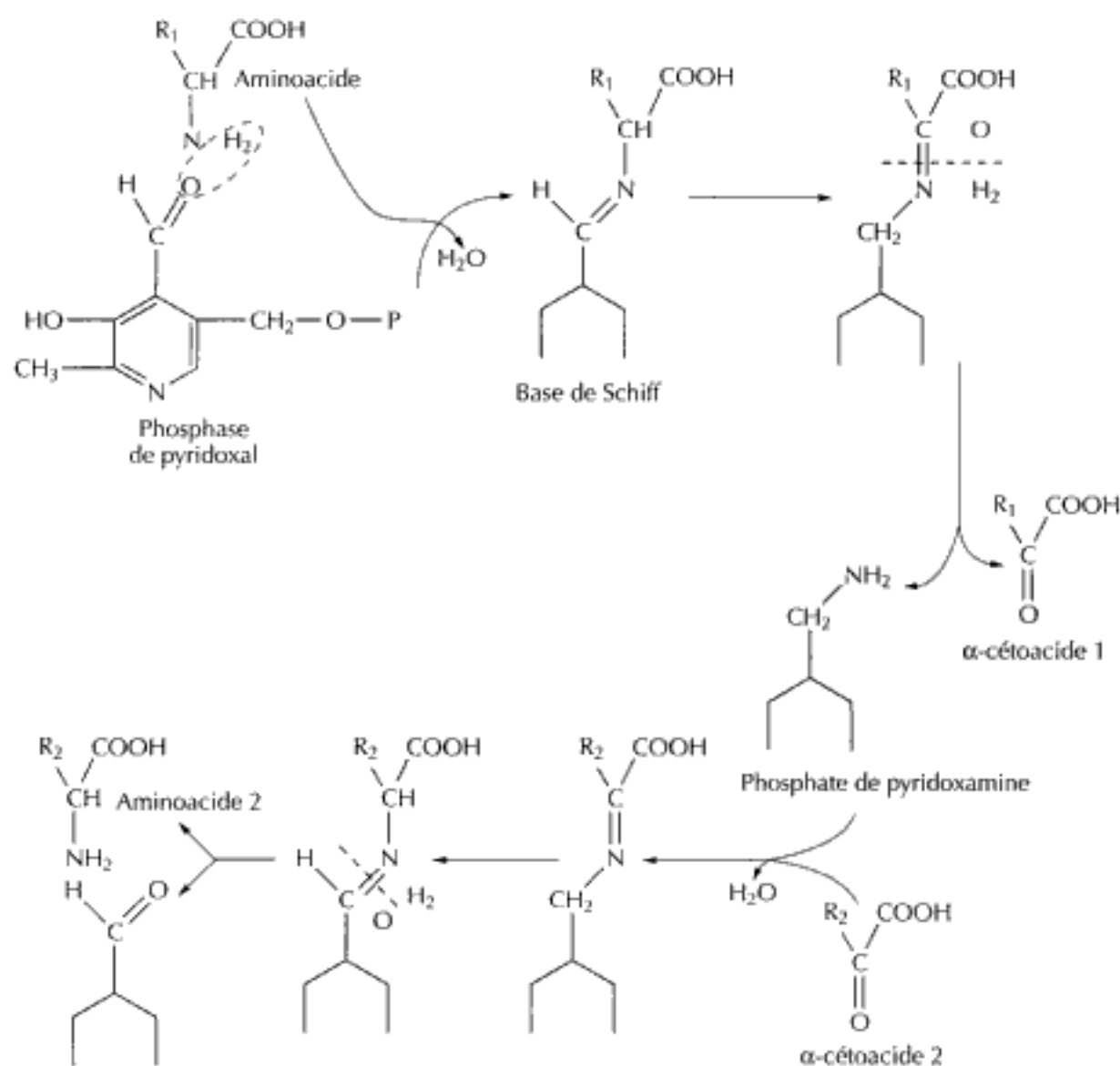


Figure 1. Mécanisme de la réaction de transamination

a) Substrats spécifiques de l'enzyme

- Aspartate aminotransférase : Asp \leftrightarrow oxaloacétate
- Alanine aminotransférase : Ala \leftrightarrow pyruvate
- Leucine aminotransférase : Leu \leftrightarrow α -cétoisocaproate

b) Substrats non spécifiques de l'enzyme

Le nombre d'acides α -cétoniques accepteurs est limité. On connaît trois systèmes de transamination principaux utilisant pour substrats des acides α -cétoniques communs à plusieurs métabolismes : pyruvate, oxaloacétate et α -céto-glutarate.

Le système de transamination mettant en jeu le couple α -céto-glutarate-glutamate est le plus important car c'est celui qui, en définitive, draine tous les groupements NH_2 collectés lors de la transamination des acides aminés, permettant ainsi la redistribution ultérieure de l'azote dans les différents pools de l'organisme. Le glutamate généré peut :

- être utilisé dans d'autres réactions de transamination. Ainsi, au niveau musculaire, la transamination de la leucine est couplée à celle du pyruvate, le couple α -céto-glutarate-glutamate étant le couple non spécifique commun aux deux réactions :



LAT : leucine aminotransférase

ALAT : alanine aminotransférase

- être utilisé dans les processus de détoxification et d'élimination de l'azote (voir « Réaction de désamination oxydative », ci-après, et le chapitre « Uréogénèse et ammoniogénèse »).

2. Importance physiologique

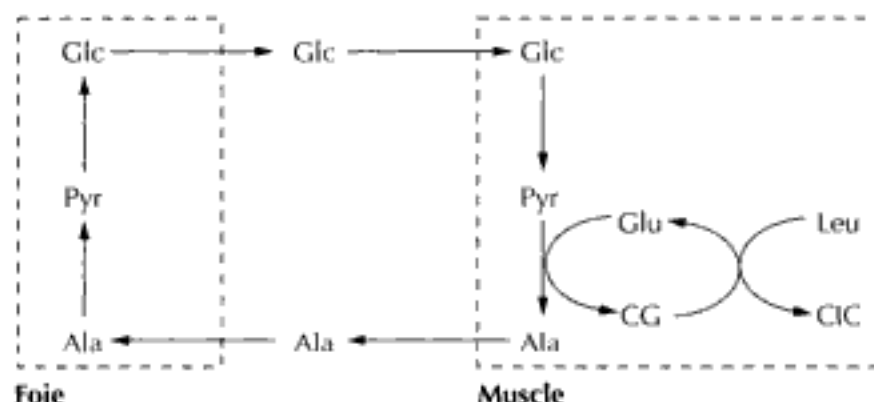
Au niveau du métabolisme intermédiaire, les réactions de transamination ont une place centrale :

- par la libération des squelettes carbonés de divers acides aminés et, notamment, des trois acides α -cétoniques précurseurs de la néoglucogénèse (pyruvate, oxaloacétate et α -cétoglutarate) ;
- par le drainage de l'azote, le glutamate représentant ainsi le carrefour du métabolisme azoté.

L'importance des réactions de transamination dans les processus de redistribution de l'azote peut être illustrée par deux exemples d'échanges interorganes d'acides aminés.

a) Le cycle alanine-glucose (ou cycle de Cahill)

Ce cycle fait intervenir l'utilisation musculaire du glucose qui est dégradé, en anaérobiose, en pyruvate. Ce dernier peut être transaminé en alanine, elle-même libérée par le muscle. En retour, l'alanine est utilisée dans la néoglucogénèse hépatique après transamination en pyruvate (fig. 2).



Ala : alanine ; CG : α -cétoglutarate ; CIC : α -cétoisocaproate ; Glc : glucose ; Glu : glutamate ; Leu : Leucine ; Pyr : pyruvate.

Figure 2. Cycle alanine-glucose (ou cycle de Cahill)

b) Cycles acides aminés à chaîne ramifiée-acides α -cétoniques

Les acides aminés à chaîne ramifiée (AACR : isoleucine, leucine et valine) sont métabolisés en deux temps : une transamination par une aminotransférase, commune aux trois AACR, suivie d'une décarboxylation oxydative par une cétocide

déshydrogénase. La réaction de transamination est réversible alors que celle de décarboxylation est irréversible. Ainsi, la vitesse de transamination est conditionnée par l'activité de la seconde enzyme (fig. 3).

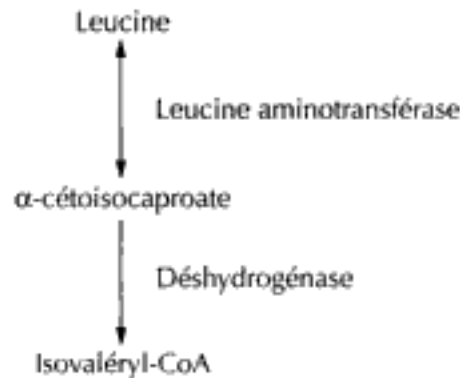


Figure 3. L'activité déshydrogénase conditionne la réversibilité de la transaminase

Dans le muscle, l'activité transaminasique est élevée, mais l'activité de la déshydrogénase est faible. Cela a deux conséquences :

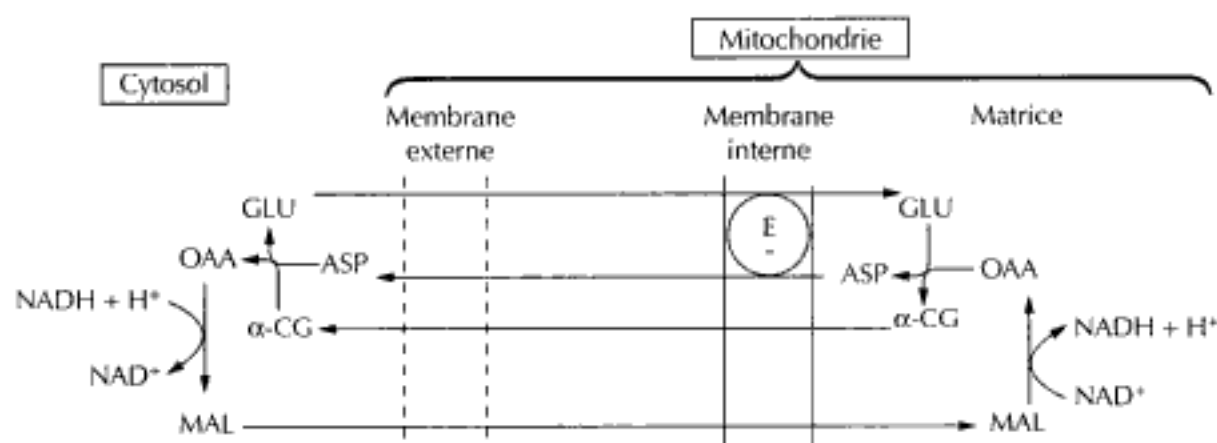
- une quantité non négligeable d'acides α -cétoniques à chaîne ramifiée (ACCR) échappe à la décarboxylation irréversible, passe dans la circulation et rejoint le foie où elle est convertie en corps cétoniques et/ou en glucose utilisés comme substrats énergétiques par les tissus périphériques ;
- la vitesse de transamination est modulée par la vitesse d'élimination du produit de la réaction, donc par l'activité de la déshydrogénase. Celle-ci est régulée selon le même type de processus que la pyruvate déshydrogénase : l'enzyme existe sous une forme phosphorylée (inactive) et une forme non phosphorylée (active). Elle passe de l'une à l'autre forme sous l'influence d'une phosphatase et d'une kinase. Ce sont ces deux dernières enzymes qui sont modulées par divers effecteurs permettant l'épargne des AACR (insuline qui inactive la déshydrogénase) ou leur utilisation (corticoïdes qui l'activent).

Dans le foie, l'activité transaminasique est faible, mais l'activité déshydrogénase est telle que la réaction est finalement plus efficace que la seule activité transaminasique le laisserait prévoir.

c) Au niveau subcellulaire

Certaines transaminases existent sous des formes isozymiques dont la localisation est différente (par exemple, les aspartates aminotransférases – ASAT – cytosolique et mitochondriale). Ces isoenzymes ont une grande importance sur le plan métabolique, notamment pour le fonctionnement de certaines navettes (fig. 4) :

- transfert d'oxaloacétate : l'oxaloacétate ne pouvant traverser la membrane mitochondriale est converti en aspartate par l'ASAT mitochondriale. Dans le cytoplasme, l'aspartate reforme de l'oxaloacétate sous l'action de l'ASAT cytosolique. Ce transfert est nécessaire à la mise en œuvre de la néoglucogenèse ;
- navette malate-oxaloacétate : elle met en jeu le couplage des isoenzymes de l'ASAT et de la malate déshydrogénase permettant, via la navette oxaloacétate, le transfert d'équivalents réducteurs (NADH, H^+).

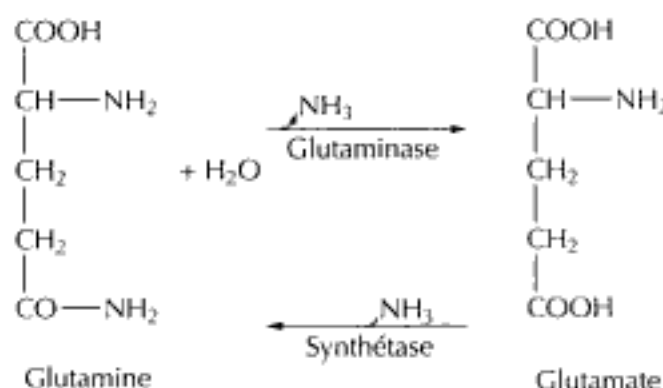


ASP : aspartate ; α -CG : α -cétoglutarate ; GLU : glutamate ; MAL : malate ; OAA : oxaloacétate.

Figure 4. Navettes intracellulaires impliquant le glutamate et l'aspartate

B. Synthèse et dégradation des amides d'acides aminés

Ces réactions concernent la glutamine et l'asparagine. La glutamine est quantitativement l'acide aminé le plus important dans le plasma (500 à 750 $\mu\text{mol/L}$) et dans le muscle (20 mmol/L d'eau cellulaire, soit 60 % du total des acides aminés libres, taurine exclue). Les réactions sont irréversibles, une enzyme permettant la synthèse (ex. : glutamine synthétase), une autre le catabolisme (ex. : glutaminase) :



La *glutamine synthétase* est une enzyme cytosolique. La réaction consomme de l'énergie (1 mole d'ATP par mole de glutamine formée, avec libération de 1 mole d'ADP + Pi). Elle nécessite la présence d'un cation divalent (Mg^{2+} , Mn^{2+} , Co^{2+}).

La *glutaminase* est liée à la face interne de la membrane interne de la mitochondrie. Il existe plusieurs isoenzymes (masse moléculaire : 120 000 à 150 000 Da), phosphate-dépendantes ou indépendantes.

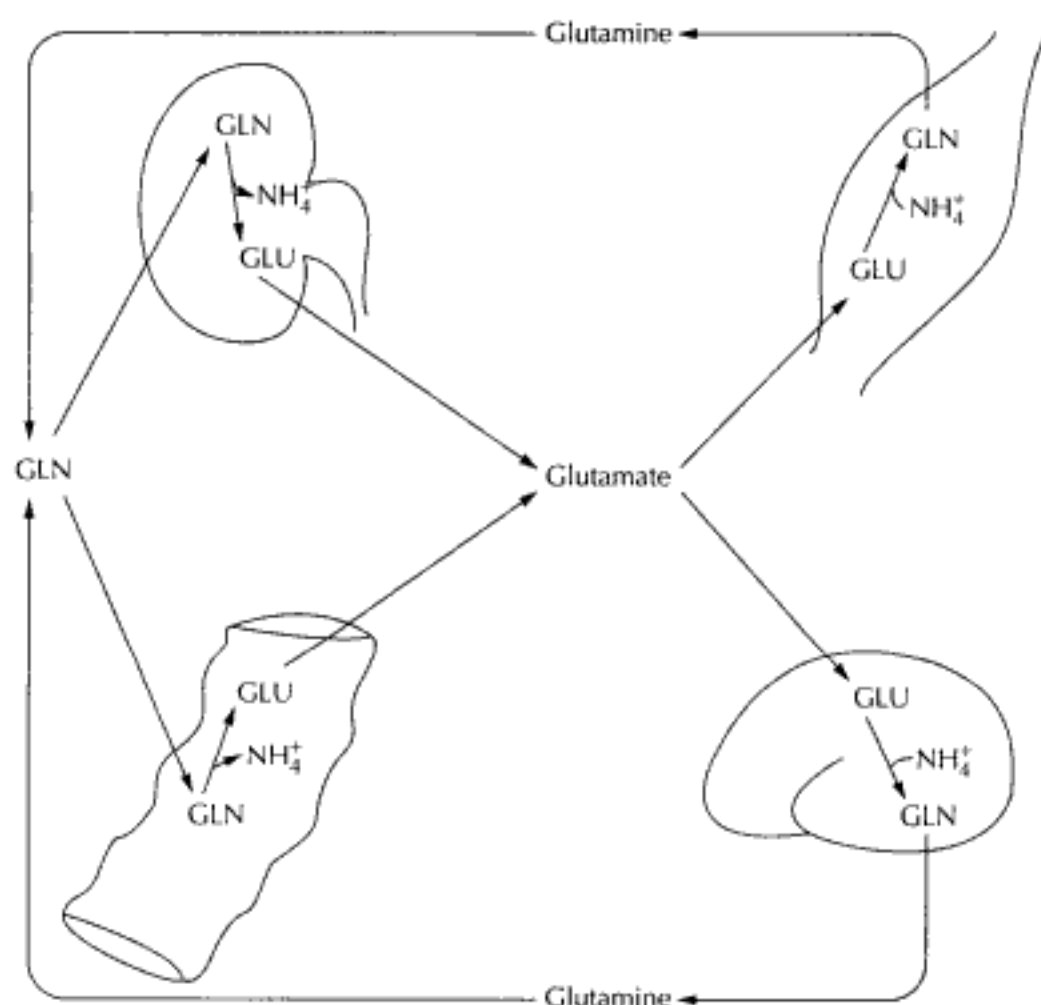
Les amides d'acides aminés jouent un rôle de *premier plan* dans le transport de l'azote.

Dans un tissu donné, excepté dans le foie, il n'existe, en quantité appréciable, que l'une ou l'autre enzyme (fig. 5) :

- glutamine synthétase dans le muscle et le poumon, qui sont des organes producteurs de glutamine ;
- glutaminase dans l'intestin et le rein, qui sont consommateurs de glutamine.

Le foie possède les deux enzymes mais dans des sous-populations différentes d'hépatocytes (fig. 6) :

- les hépatocytes périportaux possèdent la glutaminase et dégradent la glutamine dont la fonction amide alimente l'uréogénèse ;
- les hépatocytes périveineux possèdent la glutamine synthétase qui conduit à la formation de glutamine exportée dans le sang périphérique.



GLN : glutamine ; GLU : glutamate.

Figure 5. Échanges interorganes de la glutamine et du glutamate

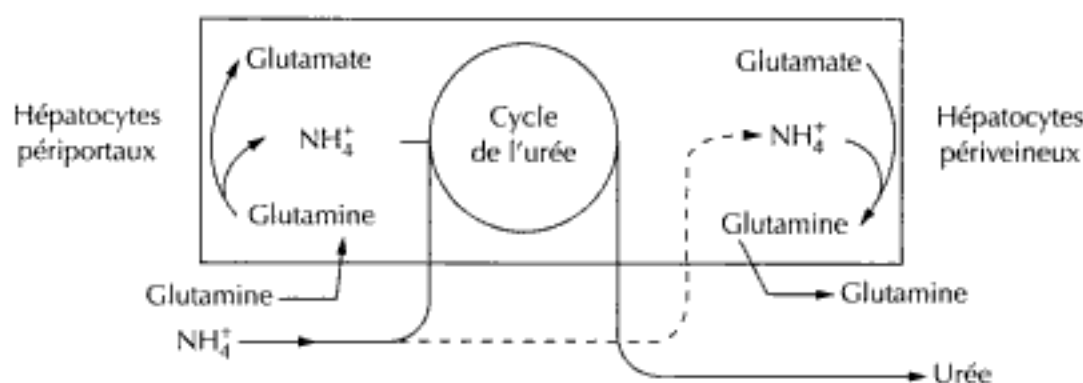


Figure 6. Compartimentalisation hépatique du métabolisme de la glutamine

Ainsi, selon la situation métabolique, le foie est soit consommateur (après un repas), soit producteur (en phase interprandiale) de glutamine. Il joue donc, grâce à ces deux enzymes, un rôle fondamental dans l'homéostasie de la glutamine.

Dans le rein, la présence de la glutaminase permet la libération de l'ammoniaque nécessaire à l'ammoniogenèse rénale et donc à l'élimination urinaire des ions H^+ (voir « Uréogénèse et ammoniogenèse »).

La glutamine est un substrat énergétique de premier choix. Son oxydation complète, au niveau de l'entérocyte par exemple, produit 30 moles d'ATP/mole de glutamine. Il en est de même dans toutes les cellules à vitesse de renouvellement rapide (leucocytes, fibroblaste, cellules tumorales).

Enfin, la glutamine intervient comme donneur d'azote pour la synthèse des bases puriques et pyrimidiques.

C. Réaction de désamination oxydative

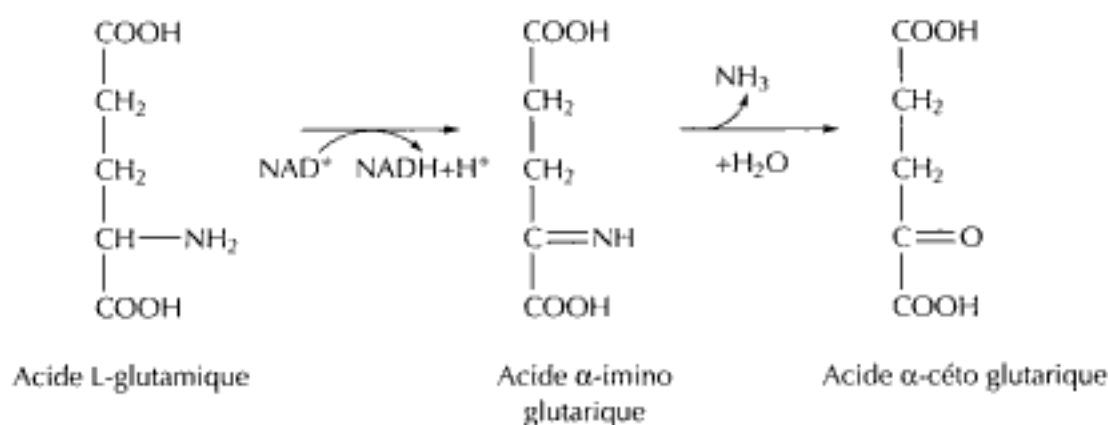
Cette réaction transforme un acide aminé en acide α -cétonique. Contrairement à la réaction de transamination, il n'y a pas d'accepteur de l'azote : celui-ci est libéré sous forme d'ammoniaque.

Il s'agit d'une réaction en deux étapes : la première livre un intermédiaire iminé (déshydrogénation enzymatique), la seconde est une hydrolyse spontanée. Il existe plusieurs enzymes de ce type. Seule la L-glutamate déshydrogénase a, chez l'homme, une importance fondamentale.

1. L-glutamate déshydrogénase (EC 1.4.1.3)

Cette enzyme utilise le NAD^+ comme coenzyme. Sa masse moléculaire est voisine de 350 000 Da. Elle possède six sous-unités identiques et est soumise à une régulation allostérique positive (ADP, GDP) et négative (ATP, GTP, $NADH+H^+$). Son rôle est double :

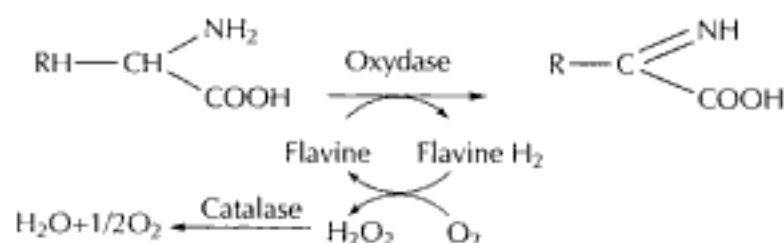
- elle permet l'oxydation du glutamate (issue par exemple de la glutamine par l'action de la glutaminase) dans le cycle de Krebs. Cette réaction de désamination oxydative est donc fondamentale dans les cellules utilisant la glutamine comme substrat énergétique préférentiel : entérocyte, leucocytes, fibroblaste, cellules cancéreuses ;
- elle permet la libération de molécules d'ammoniaque – pour leur excrétion telles quelles – au niveau du rein (rôle dans l'équilibre acidobasique).



Remarque : dans certaines cellules, comme les hépatocytes périveineux (fig.6), la réaction fonctionne en sens inverse, fournissant du glutamate pour la néosynthèse de glutamine.

2. Autres enzymes

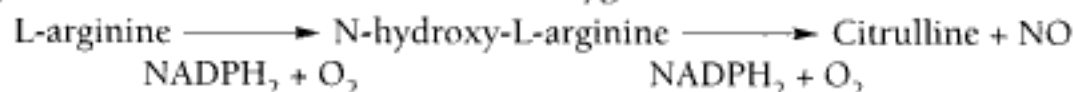
- La *D-aminoacide oxydase* est très répandue, notamment dans le foie et le rein. Le coenzyme de la réaction est la flavine adénine dinucléotide (FAD). Les D-aminoacides ne sont pas physiologiques mais peuvent néanmoins être produits par la flore intestinale. L'enzyme permettrait donc leur dégradation.
- La *L-aminoacide oxydase*, avec la flavine mononucléotide (FMN) comme coenzyme, dont l'importance métabolique est minime et concerne surtout la lysine. La régénération des coenzymes des D- et L-oxydases implique la formation d' H_2O_2 éliminé par l'intervention d'une catalase :



- La *glycine déshydrogénase* (ou glycine oxydase). Cet enzyme, à NAD^+ , catalyse la désamination oxydative de la glycine en glyoxylate et ammoniacque. Sa contribution au flux corporel total de la glycine est minime (0,2 à 0,4 %).

Remarque : il s'agit d'une désamination non oxydative. Cette réaction concerne les acides aminés possédant une fonction alcool (déshydratase), une fonction soufrée (désulphydrase) et l'histidine. Elle livre une molécule d'ammoniacque.

La synthèse du monoxyde d'azote (NO) à partir de l'arginine ne s'inscrit pas dans ce schéma commun des réactions de désamination oxydative. Les NO synthases catalysent une double réaction de mono-oxygénation :



Cette réaction concerne l'un des groupements aminés guanidiniques de l'arginine et non le groupement α -aminé.

D. Destinée finale du groupement aminé

Il s'agit de l'uréogénèse et de l'ammoniogénèse (voir « *Uréogénèse et ammoniogénèse* »). Retenons simplement ici que l'azote est éliminé essentiellement sous forme d'urée, molécule non toxique pour l'organisme.

L'azote provient essentiellement de la glutamine désaminée en glutamate. L'ion libéré participe à la synthèse de carbamoyl-phosphate tandis que le glutamate est le précurseur du N-acétylglutamate, activateur allostérique de la carbamoyl-phosphate synthétase.

Autrement dit, une augmentation du *turn-over* protéique augmente la synthèse et la libération de glutamine par les tissus périphériques et sa captation par les territoires splanchniques : l'afflux de glutamine dans le foie active la glutaminase, la formation d'ammoniaque, de glutamate et de N-acétylglutamate (fig. 7).

L'arginine joue également un rôle important dans l'activation de l'uréogénèse.

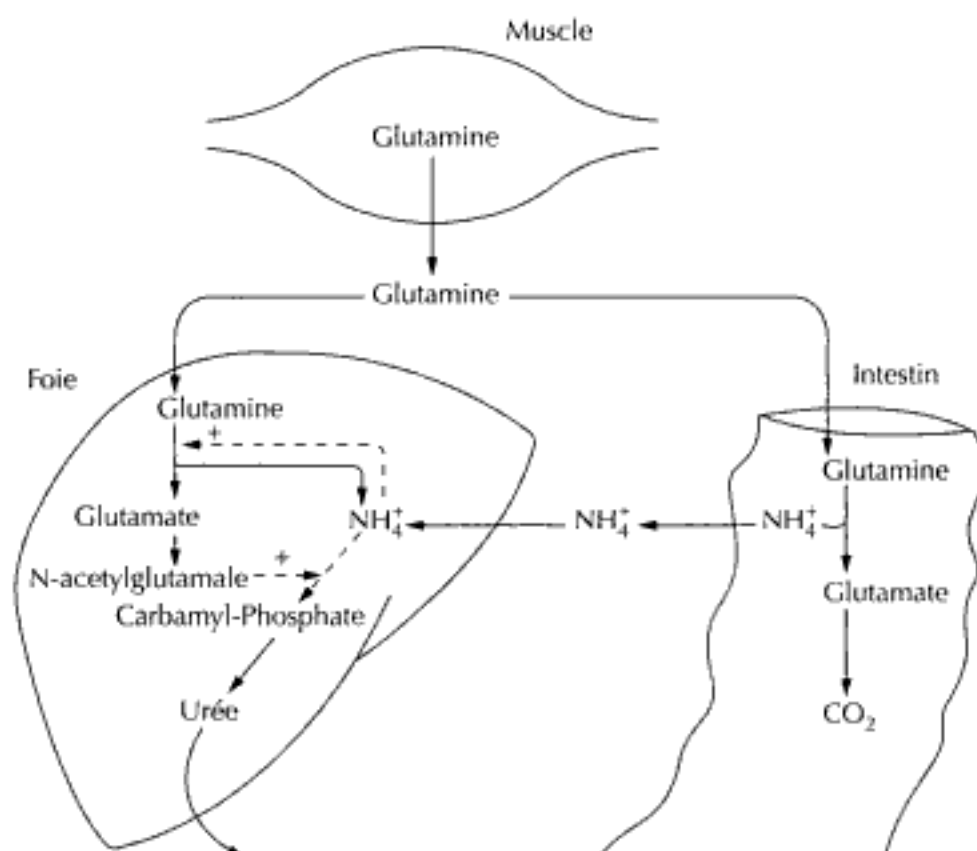
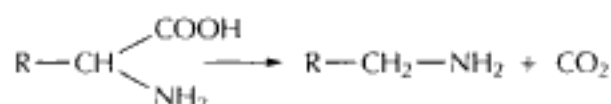


Figure 7. Contribution interorgane de la glutamine à l'uréogénèse

II. Réactions de décarboxylation

Il s'agit d'une réaction irréversible de dégradation des acides aminés se traduisant par la perte de la fonction carboxylique.



Ces réactions sont spécifiques des L-acides aminés. Les décarboxylases ont pour coenzyme le phosphate de pyridoxal.

Dans les tissus animaux, la décarboxylation est un processus secondaire sur le plan quantitatif. Il n'en est pas de même sur le plan qualitatif, ainsi qu'en témoigne l'importance biologique des amines formées. Le tableau ci-dessous indique les acides aminés concernés par cette réaction, le produit de la réaction, la localisation tissulaire de l'enzyme et le rôle biologique principal de l'amine formée.

Les décarboxylases sont des enzymes dont l'activité est finement régulée. À titre d'exemple, l'ornithine décarboxylase (ODC ; MM = 51 000 Da, pl = 5,1) voit sa synthèse diminuer très rapidement et son catabolisme augmenter lorsque la concentration cellulaire en putrescine augmente. L'inverse est observé lorsque les cellules sont stimulées par des hormones anaboliques (androgènes). Il existe de plus une régulation assurée par une protéine inhibitrice de MM 22 000 Da, appelée « antizyme », qui faciliterait la dégradation de l'enzyme.

	Produit de décarboxylation	Localisation tissulaire	Rôle biologique de l'amine
Ornithine	Putrescine	Intestin, foie, rein	Synthèse protéique, multiplication cellulaire, activation des lymphocytes
Histidine	Histamine	Rein, foie, intestin Intestin, foie, rein	Action sur la pression artérielle
Tyrosine	Tyramine	Rein	Contraction de l'utérus
Glutamate	γ -aminobutyrate	Cerveau	Fonctionnement des cellules nerveuses
diOHphénylalanine	diOHphényl éthylamine	Foie, pancréas, intestin, rein	Précurseur de l'adrénaline
Cystéine	Taurine	Foie, rate, cerveau	Conjugaison des acides biliaires

III. Métabolisme du squelette carboné

À chaque acide aminé correspond une voie catabolique particulière, mais ces voies convergent toutes vers un nombre limité de produits : soit l'acétoacétate, soit un substrat du cycle tricarboxylique (acétyl-CoA, α -cétoglutarate, succinyl-CoA, fumarate, oxaloacétate). On peut donc distinguer :

- des acides aminés céto-gènes (isoleucine, leucine, lysine, tryptophane, tyrosine et phénylalanine) dont le catabolisme produit de l'acétoacétate ;
- des acides aminés glucoformateurs qui peuvent être soit totalement oxydés en CO_2 dans le cycle de Krebs, soit être utilisés dans la néoglucogenèse via l'oxaloacétate (fig. 8).

Cette notion d'acides aminés céto-gènes ou glucoformateurs n'est pas absolue puisque trois acides aminés (isoleucine, tyrosine et phénylalanine) sont à la fois céto-gènes et glucoformateurs :

- la tyrosine et la phénylalanine sont dégradées en fumarate et en acétoacétate ;
- l'isoleucine est dégradée en acétyl-CoA et en acétoacétate.

Enfin, cette distinction doit être relativisée dans la mesure où il ne s'agit que d'une possibilité d'évolution finale de la molécule et non d'une destinée obligatoire.

Ainsi, la contribution des acides aminés à la néoglucogenèse est très variable. Elle est importante pour l'alanine, la glutamine, la glycine et la proline, beaucoup plus faible pour les autres acides aminés glucoformateurs.

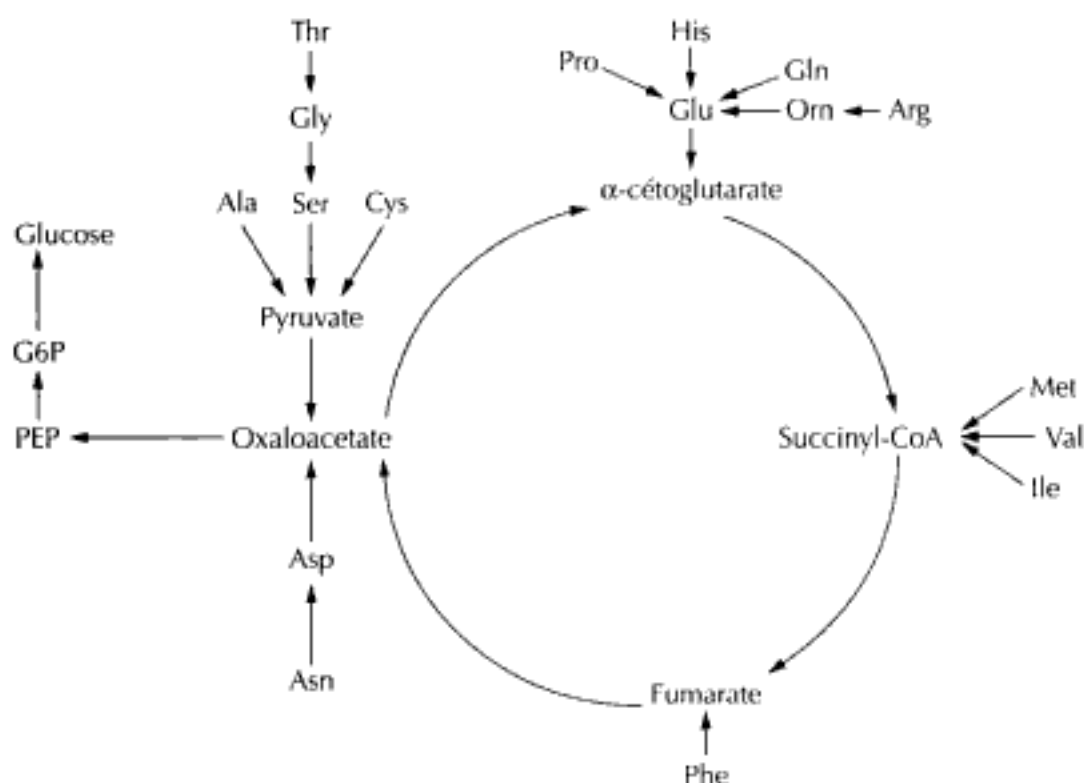


Figure 8. Entrée des acides aminés dans le cycle de Krebs et la néoglucogenèse

IV. Régulation des processus généraux de synthèse et de dégradation des acides aminés

La régulation de la synthèse et de la dégradation des acides aminés est sous la dépendance de deux facteurs intriqués.

A. Contrôle par la disponibilité en substrats

Les réactions précédentes pourront évoluer différemment selon que l'individu est à jeun ou non. Après un repas protéique, les acides aminés qui auront échappé au métabolisme dans l'aire splanchnique viendront enrichir le sang périphérique : dans les conditions normales, le foie capte environ 50 % des acides aminés absorbés, un tiers étant destiné à la synthèse protéique tandis que le reste est dégradé avec production d'urée. Du fait de l'activité réduite de l'AACR transaminase au niveau splanchnique, les AACR ont un métabolisme hépatique limité, d'où une relative abondance dans le sang périphérique. Au contraire, les concentrations de glutamate, glutamine et aspartate varient peu en dépit de leur présence importante dans les protéines du fait d'un catabolisme viscéral important (voir *supra*). L'afflux des AACR (en particulier la leucine) au niveau périphérique favorise les synthèses protéiques tandis que l'augmentation du flux portal d'ammoniaque stimule la glutaminase hépatocytaire et augmente le flux d'urée.

En situation de jeûne, la dépendance de la fourniture de glucose vis-à-vis de la néoglucogenèse s'accroît progressivement. Elle nécessite le transfert d'acides aminés

néoglucogéniques, notamment d'alanine, vers le foie : il existe ainsi une activation du cycle alanine-glucose, mentionné précédemment, au détriment des AACR musculaires, ce qui s'accompagne d'une libération accrue d'acides α -cétoniques utilisables dans la cétogénèse hépatique.

B. Contrôle hormonal

Il s'exerce soit directement en agissant sur les différentes voies métaboliques, soit indirectement par le contrôle de la disponibilité en substrats.

1. Hormones anaboliques

L'insuline et l'hormone de croissance favorisent l'utilisation des acides aminés dans les synthèses protéiques musculaires. Il faut souligner que la sécrétion de ces hormones est stimulée par certains acides aminés, en particulier la leucine et l'arginine.

L'insuline augmente le transfert cellulaire des acides aminés. Elle favorise l'épargne des acides aminés en exerçant un effet inhibiteur direct sur la néoglucogénèse. Elle inhibe également les cétoacides déshydrogénases musculaires, d'où une économie des AACR pour la synthèse protéique.

2. Hormones cataboliques

En situation de stress, les hormones cataboliques, et plus particulièrement le cortisol (sans doute conjointement avec les cytokines comme le $\text{TNF}\alpha$ et l' $\text{IL1}\beta$), stimulent la libération périphérique des acides aminés par activation de la protéolyse. L'activation de l'AACR déshydrogénase favorise la synthèse musculaire d'alanine (cycle de Cahill). En parallèle, le glucagon et, dans une moindre mesure, le cortisol stimulent la captation hépatique des acides aminés et leur utilisation dans la néoglucogénèse avec élimination du groupement aminé dans l'uréogénèse.

Conclusion

Les processus généraux de catabolisme des acides aminés sont en nombre limité. Outre la réaction de transamination qui permet de redistribuer l'azote corporel, les réactions d'amination et de désamination contrôlent la réutilisation et l'élimination de l'azote excédentaire. Les réactions de décarboxylation des acides aminés sont irréversibles et conduisent à la formation d'amines aux propriétés particulières. Les réactions de décarboxylation des acides α -cétoniques sont les étapes limitantes du métabolisme de certains acides aminés, notamment ceux à chaîne ramifiée, et contrôlent la vitesse de transamination.

Pour en savoir plus

- Cynober L., Coudray-Lucas C., Ziegler F., De Bandt J.-P. et al. Métabolisme azoté chez le sujet sain. *Nutr Clin Métabol*, 1989 ; 3 ; 87-101.

- Cynober L., Marcollet M. Métabolisme des protéines. *Encycl Med Chir* (Elsevier, Paris), 1994 : 10-375-A-10.
- Cynober L. « Amino acid metabolism » in *Encyclopedia of biological chemistry* (Elsevier Inc., New York, États-Unis) 2004 ; 1 : 90-5.
- Harper A.E., Miller R.H., Block X.P. Branchedchain aminoacid metabolism. *Ann Rev Nutr*, 1984 ; 4 ; 409-54.
- Haussinger D., Sies H. *Glutamine metabolism in mammalian tissues*. Berlin (Allemagne), Springer, 1984.
- Moinard C. Cynober L., De Bandt J.-P. Polyamines : metabolism and implications in human diseases. *Clin Nutr*, 2005 : 24 : 184-97.

Hidden page



Uréogénèse et ammoniogénèse

L. CYNOBER¹, J.-P. DE BANDT

Laboratoire de biochimie, Hôtel-Dieu, AP-HP, Paris.

Laboratoire de biologie de la nutrition, EA 2498, UFR de pharmacie,
Paris-V.

I. Uréogénèse

- A. Étapes du cycle de l'urée
- B. Bilan de l'uréogénèse
- C. Régulation de l'uréogénèse

II. Ammoniogénèse

- A. Voie de l'ammoniogénèse
- B. Régulation de l'ammoniogénèse
- C. Importance métabolique de l'ammoniogénèse rénale

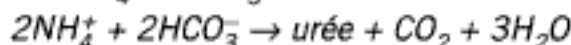
III. Relation entre uréogénèse et ammoniogénèse : maintien de l'homéostasie acide-base

1. Pour toute question relative à ce chapitre : luc.cynober@htd.aphp.fr.

Les protéines constituent chez l'adulte sain un pool en équilibre dynamique, c'est-à-dire que, sur une période de 24 heures, les synthèses équilibrent le catabolisme. L'oxydation complète des acides aminés issus des protéines conduit à la production quasi isomolaire des ions NH_4^+ et HCO_3^- . Les remaniements protéiques, l'utilisation énergétique des acides aminés, leur afflux après un repas posent le problème de l'élimination des ions NH_4^+ et HCO_3^- excédentaires dont l'équivalent de 1 mole est formé chaque jour dans l'organisme. L'élimination de l'ammoniac ne peut s'effectuer directement car, à une concentration circulante supérieure à $50 \mu\text{mol/L}$, cette molécule est toxique pour le système nerveux central. Chez l'homme, la voie de détoxification de l'azote est l'uréogénèse, ou synthèse d'urée. Il s'agit d'une molécule atoxique synthétisée par le foie et éliminée dans les urines.

Toutefois, l'ammoniac ne doit pas être converti en totalité en urée car il joue un rôle fondamental dans l'équilibre acidobasique au niveau du rein.

Par ailleurs, le couple $\text{HCO}_3^-/\text{CO}_2$ représente le système tampon le plus important pour le maintien de l'équilibre acidobasique. Or, la synthèse d'urée correspond à la consommation isomolaire des ions NH_4^+ et HCO_3^- :



Il est donc nécessaire que la régulation de l'uréogénèse permette l'économie de HCO_3^- en cas d'acidose. Afin de se protéger de l'ammoniac et en même temps de pouvoir limiter une uréogénèse excessive, l'organisme dispose d'un acide aminé, la glutamine, qui joue le rôle de transporteur interorganes d'ammoniac. Le métabolisme rénal de la glutamine tient une part prépondérante dans l'ammoniogénèse dont la vitesse est réglée par le fonctionnement d'une enzyme, la glutaminase.

I. Uréogénèse

Le cycle de l'uréogénèse est exclusivement localisé dans le foie, seul organe possédant toutes les enzymes de ce métabolisme en quantité notable. Cette voie métabolique peut être divisée en deux parties :

- l'acheminement de l'azote excédentaire jusqu'au foie : il est assuré principalement par la glutamine et l'alanine. Certains aspects de ces voies métaboliques, et en particulier la coopération intestin-foie en période postprandiale, sont développés ci-dessous. Pour plus de détails, nous renvoyons le lecteur au chapitre « Réactions générales du catabolisme des acides aminés » ;
- la synthèse de l'urée proprement dite, ou cycle de l'urée, découverte en 1932 par Hans Krebs et Kurt Henseleit.

Il faut noter que toute cellule (e.g. macrophage, cellule endothéliale, etc.) possédant une activité arginase peut produire de l'urée, mais ce phénomène est quantitativement peu important.

A. Étapes du cycle de l'urée

Le cycle de l'urée est formé de cinq réactions, dont quatre forment le cycle proprement dit, aboutissant à la régénération de l'ornithine et à la libération d'une molécule d'urée (fig. 1). Le cycle est en partie mitochondrial, en partie cytoplasmique.

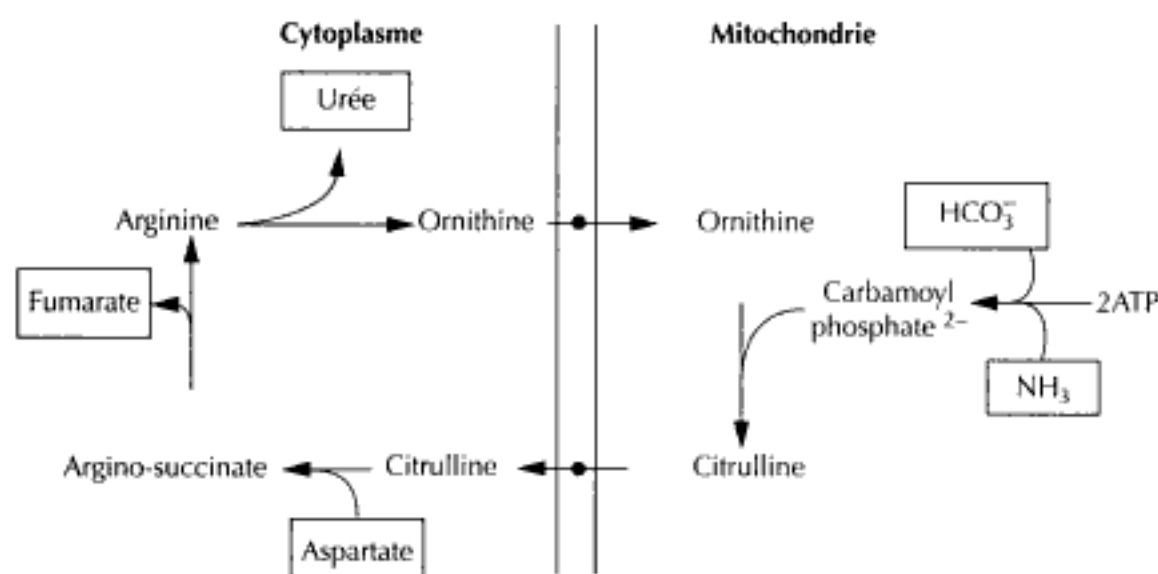
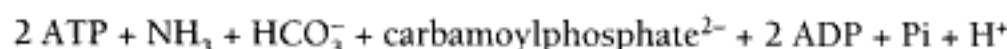


Figure 1. Schéma général du cycle de l'urée

Le détail des réactions et les éléments de régulation sont présentés dans les figures suivantes.

1. Carbamoyl-phosphate synthétase (CPS-I)

Cette réaction mitochondriale permet la synthèse du carbamoylphosphate à partir de l'ammoniac et du bicarbonate :

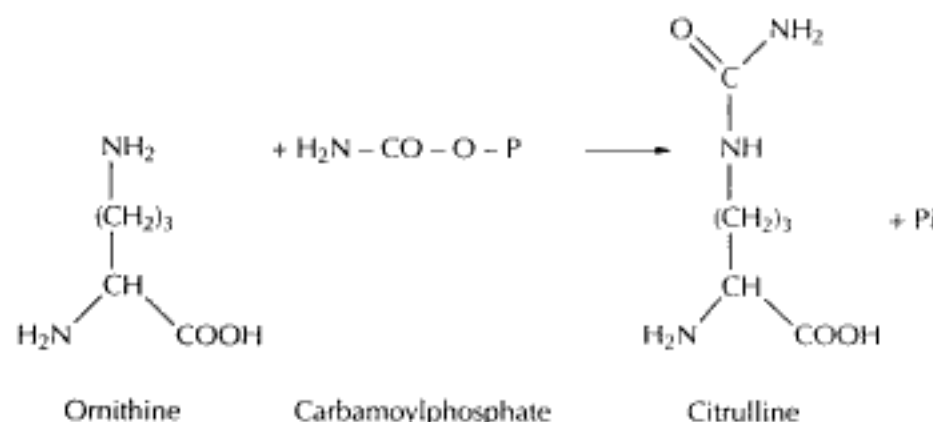


Elle utilise NH_3 plutôt que NH_4^+ comme substrat. HCO_3^- est formé à partir du CO_2 généré dans le cycle tricarboxylique de Krebs. La formation de HCO_3^- implique une anhydrase carbonique et, pour une faible part, des réactions d'hydratation non catalytiques.

La CPS-I est formée de deux sous-unités de MM 160 000 Da. Elle est localisée au niveau de la membrane interne de la mitochondrie à laquelle elle est associée de manière lâche. Le N-acétylglutamate (voir plus loin la synthèse de cette molécule) est un activateur allostérique obligatoire de la CPS-I. La liaison d'une molécule de N-acétylglutamate à une sous-unité de l'enzyme nécessite la présence d'ATP et de Mg^{2+} . Parmi les produits de la réaction, seul l'ADP est fortement inhibiteur. Les propriétés particulières de cette enzyme en font un élément clé de la régulation du cycle de l'urée.

2. Ornithine carbamoyltransférase (OCT)

L'OCT catalyse la formation mitochondriale de citrulline :



L'OCT est composée de trois sous-unités identiques de MM 36 500 Da chez l'homme. Bien que cette réaction soit réversible, l'équilibre de la réaction favorise largement la formation de citrulline. L'OCT est associée au transporteur ornithine-citrulline au niveau de la membrane interne de la mitochondrie. Le carbamoylphosphate est donc canalisé depuis sa formation jusqu'à son utilisation au sein de ce qui pourrait être considéré comme un complexe multienzymatique formé de la CPS, de l'OCT et du transporteur citrulline-ornithine (fig. 2).

Ce modèle peut être vu comme un système d'épargne de métabolites intermédiaires. Son efficacité permet d'expliquer :

- la concentration intramitochondriale extrêmement faible en carbamoylphosphate libre ;
- l'origine exclusivement cytoplasmique de l'ornithine utilisée pour la synthèse de citrulline.

Remarque : l'OCT peut également utiliser la lysine [$\text{NH}_2 - (\text{CH}_2)_4 - \text{CHCOOHNH}_2$] comme substrat. Le produit de la réaction est alors l'homocitrulline. À l'état physiologique, cette réaction est quantitativement négligeable (< 0,2 % de celle impliquant l'ornithine).

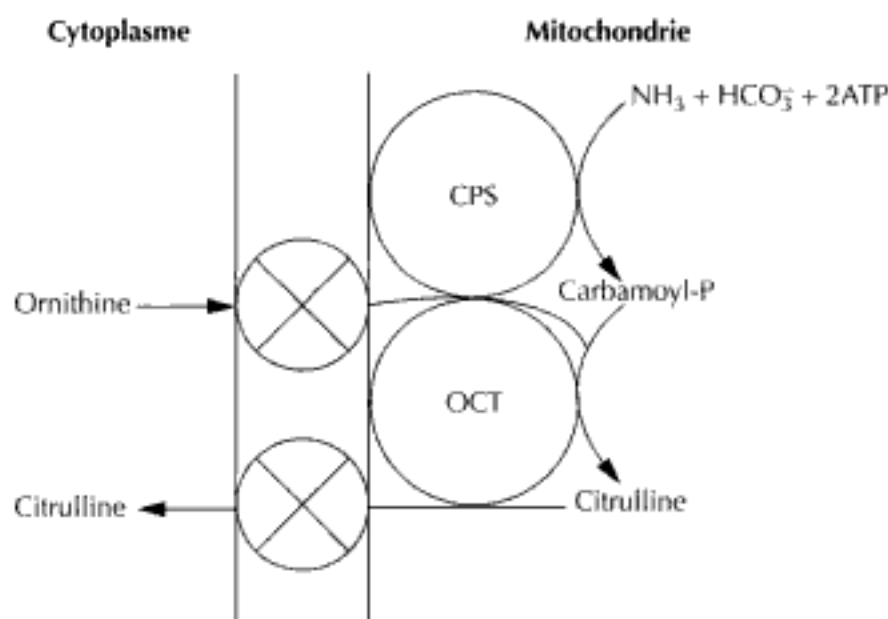


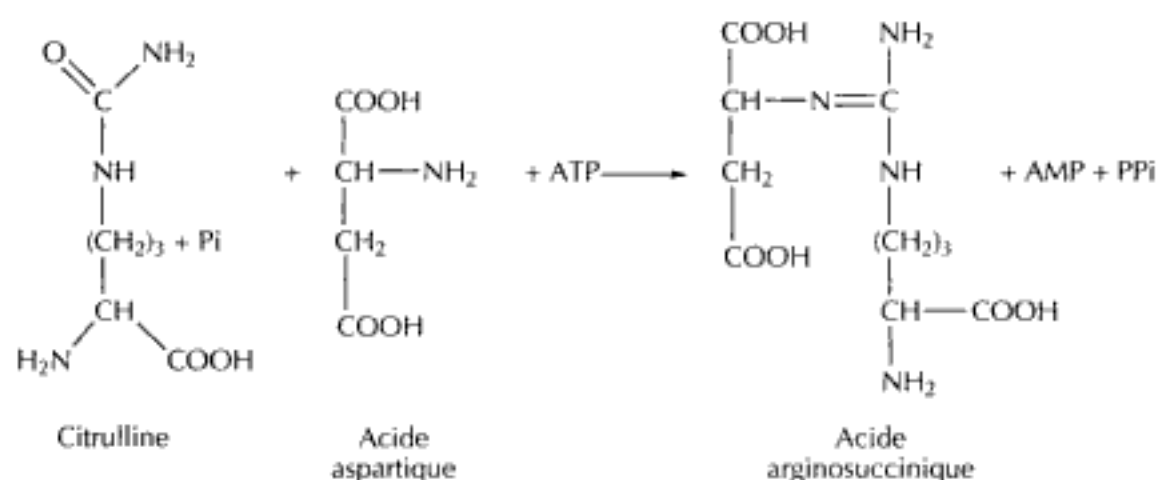
Figure 2. La « canalisation » du carbamoylphosphate, de l'ornithine et de la citrulline à la face interne de la membrane mitochondriale

3. Arginosuccinate synthétase

Cette enzyme, comme les suivantes, est de localisation cytoplasmique. Elle catalyse la condensation de la citrulline et de l'aspartate.

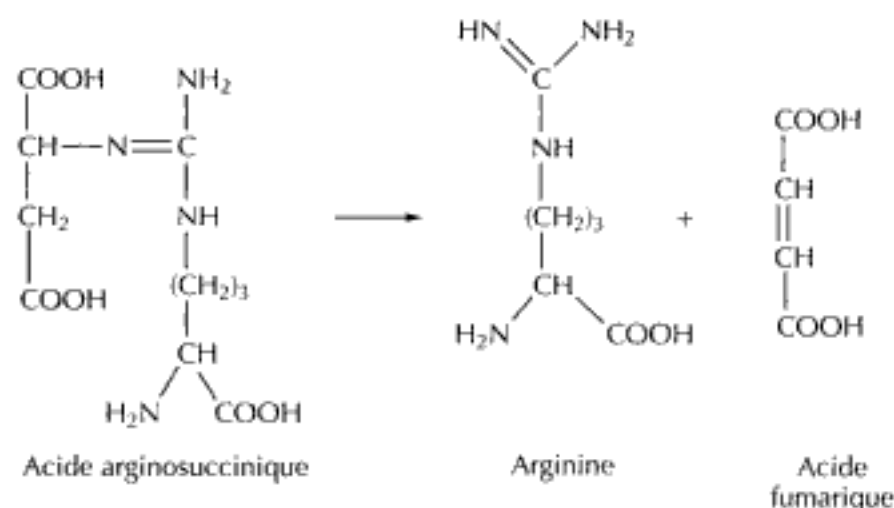
La réaction, réversible, est déplacée vers la formation d'arginosuccinate du fait de la consommation, par une pyrophosphatase, du pyrophosphate produit.

L'enzyme est un homotétramère (MM des sous-unités = 46 000 Da).



4. Arginosuccinate lyase

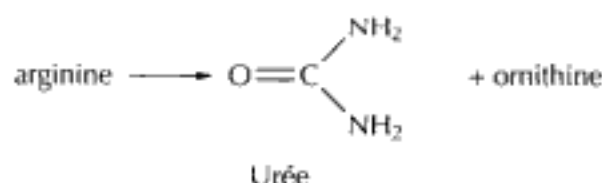
Cette enzyme catalyse le clivage de l'arginosuccinate en arginine et en fumarate.



L'enzyme est également un homotétramère (MM des sous-unités = 50 000 Da).

5. Arginase

La réaction, fortement exergonique ($\Delta G^0 = -12,3$ kcal/mol) libère une molécule d'urée et régénère l'ornithine.



L'arginase a une MM de 107 000 à 118 000 Da selon les espèces et serait un trimère ou un tétramère.

Des enzymes du cycle de l'urée, l'arginase est celle dont la V_{max} est la plus élevée : 6,5 fois celle de l'OCT, plus de 350 fois celle des autres enzymes. L'arginase n'est donc jamais l'étape limitante du flux uréogénique. Il existe deux isoenzymes : de type I dans l'hépatocyte, de type II dans les autres cellules. Comme nous l'avons vu plus

haut, seul le foie possède l'ensemble des enzymes nécessaires à l'uréogénèse. Cependant, d'autres tissus possèdent une ou plusieurs enzymes. Par exemple, l'intestin exprime l'arginase, la CPS et l'OCT et le rein les arginosuccinates synthétase et lyase. Ainsi, une partie de l'arginine captée par l'intestin est libérée dans le sang portal sous forme de citrulline, laquelle est métabolisée dans le rein libérant l'arginine. Ces échanges interorganes permettent d'éviter une uréogénèse excessive après un repas (voir plus loin) car la citrulline, contrairement à l'arginine, n'est pas captée par le foie.

B. Bilan de l'uréogénèse

Tous les substrats intermédiaires étant régénérés, seule la consommation d'énergie est à prendre en compte : soit quatre liaisons riches en énergie ($2 \text{ ATP} \rightarrow 2 \text{ ADP}$ pour la synthèse de carbamoylphosphate, $1 \text{ ATP} \rightarrow 1 \text{ AMP}$ pour la synthèse d'arginosuccinate). L'uréogénèse a donc un coût énergétique.

C. Régulation de l'uréogénèse

La synthèse de l'urée est soumise à trois types de régulation : le flux de substrats en amont du cycle de l'urée, une régulation allostérique des enzymes du cycle et une régulation hormonale qui concerne aussi bien le flux des précurseurs que les enzymes du cycle.

1. Régulation par les substrats

Dans la plupart des cas, le catabolisme oxydatif des acides aminés dans les tissus périphériques aboutit à la perte du (des) groupement(s) azoté(s) retrouvé(s) dans la circulation, soit libre(s) sous forme de NH_3 , soit, pour la plus grande part, sous forme de glutamine et d'alanine qui assurent les échanges interorganes d'azote (voir « Réactions générales du catabolisme des acides aminés »).

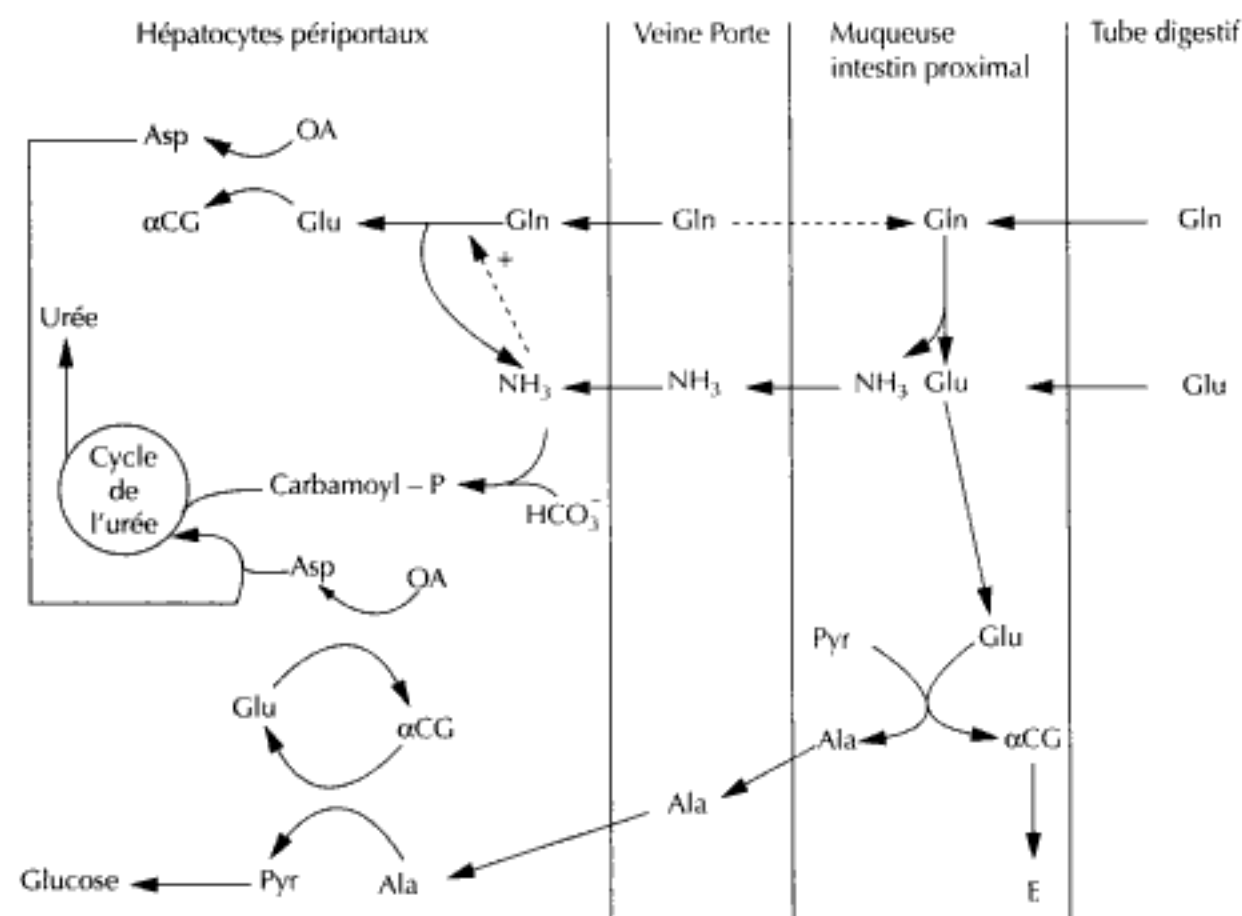
Le flux d'azote est assuré différemment selon la situation physiologique.

a) Période postprandiale

Après un repas, plus de 50 % de l'azote absorbé sont immédiatement transformés en urée. Le flux uréogénique est, dans ce cas, lié au fonctionnement couplé de l'intestin et du foie (fig. 3). La finalité de ce processus est essentiellement d'éviter qu'un excès d'acides aminés parvienne dans la circulation générale, ce qui pourrait avoir des effets délétères au niveau cérébral (de nombreux acides aminés sont des neuromédiateurs ou précurseurs de neuromédiateurs).

■ Au niveau intestinal

Les acides aminés libres, issus des protéines alimentaires sous l'action des protéases intestinales et des peptidases entérocytaires, parviennent dans la circulation portale. Toutefois, la glutamine et le glutamate, qui représentent environ 20 % du contenu protéique en acides aminés, sont largement oxydés dans l'entérocyte. Cela conduit en particulier à une économie de la glutamine apportée par la circulation splanchnique (la captation luminale de la glutamine dans l'entérocyte déprime en effet son utilisation au pôle portal de la cellule). Il en résulte un flux important d'acides aminés (principalement d'alanine) et d'ammoniac vers le foie.



Gln, glutamine ; Glu, glutamate ; Pyr, pyruvate ; Ala, alanine ; Asp, aspartate ; α CG, α -cétoglutarate ; OA, oxaloacétate ; E : énergie.

Figure 3. Coopération entre l'intestin et le foie en période postprandiale

■ Au niveau hépatique

La glutamine est hydrolysée en glutamate et en ammoniac par une glutaminase mitochondriale présente en très grande quantité dans les hépatocytes périportaux. L'activité glutaminasique est alors très élevée car cette enzyme possède la propriété d'être activée par le produit de la réaction, l'ammoniac (fig. 3). Or, le flux portal d'ammoniac est lui-même très augmenté (glutaminolyse intestinale + production d'ammoniac par les bactéries du tube digestif). L'ammoniac, quelle que soit sa source (portale ou hépatocytaire), est incorporé dans le carbamoylphosphate.

L'alanine est transaminée en pyruvate, largement utilisé pour la synthèse de glucose et sa mise en réserve sous forme de glycogène, son groupement aminé permettant la formation de glutamate à partir de l' α -cétoglutarate.

Le glutamate, issu des réactions précédentes, peut, sous l'action de l'aspartate aminotransférase, céder son groupement $-NH_2$ à l'oxaloacétate pour former de l'aspartate. Ce dernier, après transfert de la mitochondrie dans le cytoplasme, apporte le deuxième groupement azoté nécessaire à la synthèse de l'urée. L'augmentation du flux de glutamate favorise également la synthèse de N-acétylglutamate dont l'importance est précisée plus loin.

Tous les autres acides aminés pouvant être transaminés ou subir une désamination participent également à des degrés divers à l'uréogénèse.

b) Période interprandiale

Le flux azoté en provenance de l'intestin est très atténué en période interprandiale. L'azote (aux deux tiers sous forme d'alanine et de glutamine) provient du muscle. L'alanine est le substrat privilégié de l'uréogénèse tandis que la glutamine est captée préférentiellement par l'intestin. Le flux uréogénique est nettement plus faible qu'en période postprandiale.

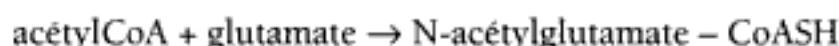
c) En situation pathologique

Lors d'un stress, l'efflux musculaire de l'azote est considérablement augmenté, notamment en réponse à l'hypercorticisme. L'uréogénèse s'accroît en conséquence tandis que le squelette carboné des acides aminés est utilisée dans la néoglucogénèse.

Au contraire, lors d'un jeûne, le processus d'épargne protéique tarit le flux uréogénique. Ces exemples illustrent bien le rapport étroit qui existe entre la vitesse de formation de l'urée et la disponibilité en substrats.

2. Régulation allostérique : rôle du N-acétylglutamate

Le N-acétylglutamate est le régulateur allostérique obligatoire de la CPS-I (voir plus haut). La synthèse de N-acétylglutamate est catalysée par le N-acétylglutamate synthétase :



Cette enzyme mitochondriale est un trimère de MM 160 000 Da. Elle est puissamment activée par l'arginine. Deux remarques s'imposent :

- la genèse d'arginine dans le cycle de l'urée est cytoplasmique. Le rôle activateur de cet acide aminé sur le N-acétylglutamate synthétase implique son transport préalable dans la mitochondrie ;
- le couple N-acétylglutamate-arginine constitue un système d'activation extrêmement efficace du cycle de l'urée puisqu'il intervient simultanément en début (le N-acétylglutamate sur la CPS-I) et en fin de cycle (l'arginine sur le N-acétylglutamate synthétase) (fig. 4).

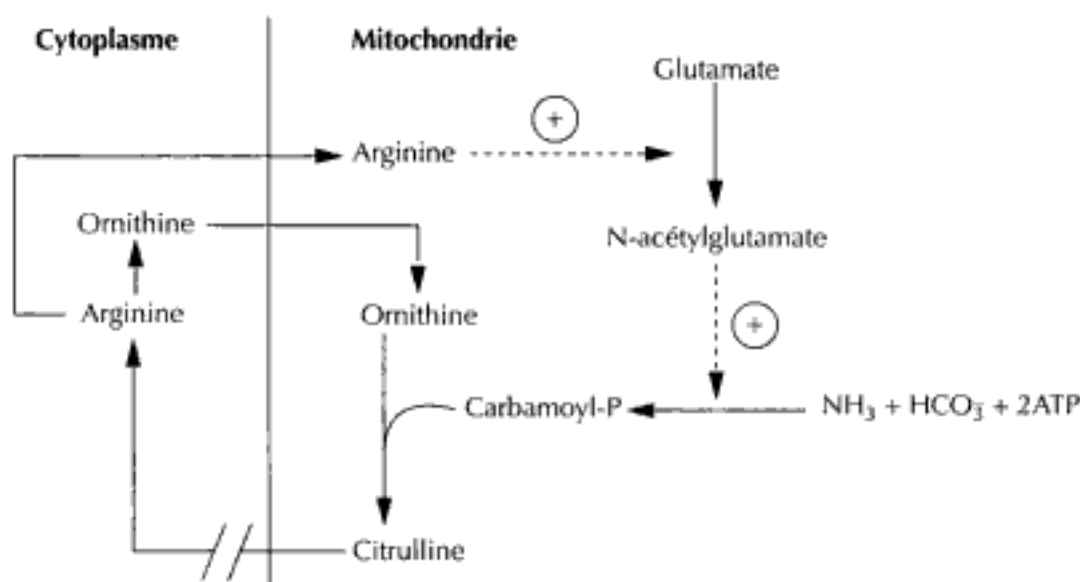


Figure 4. Le couple N-acétylglutamate-arginine, régulateur de l'uréogénèse

3. Régulation hormonale

Elle peut être *indirecte* en modulant la disponibilité en substrats. Par exemple, le cortisol, en augmentant la protéolyse et l'efflux musculaire des acides aminés, augmente l'uréogénèse. Le glucagon, en augmentant le transport hépatocytaire des acides aminés, stimule également l'uréogénèse. Au contraire, l'insuline diminue l'uréogénèse en orientant les acides aminés vers la synthèse protéique.

Elle peut être *directe* sur la synthèse des enzymes du cycle de l'urée. Une telle action a été rapportée pour le cortisol et le glucagon.

II. Ammoniogénèse

On appelle « ammoniogénèse » la biosynthèse d'ammoniac par les cellules tubulaires proximales rénales ou, accessoirement, par les cellules distales.

Quoique divers acides aminés et les nucléotides puriques concourent à la synthèse d'ammoniac par le rein, la glutamine est de loin le précurseur le plus important (70 à 80 % de l'ammoniac formé par le rein).

Remarque : le terme « ammoniogénèse » est pris ici au sens d'une synthèse d'ammoniac en vue de son élimination sous cette forme. On parle souvent d'« ammoniogénèse intestinale ». Celle-ci est assurée par :

- l'hydrolyse de l'urée (diffusant dans la lumière intestinale) par les uréases bactériennes ;
- la désamination des acides aminés par les bactéries présentes dans le côlon.

Toutefois, en l'absence d'atteinte hépatique sévère, le foie capte et transforme en urée la quasi-totalité de l'ammoniac d'origine intestinale (voir plus haut).

De même, au niveau du muscle, le métabolisme de certains acides aminés et des bases puriques et pyrimidiques provoque la libération de quantités non négligeables d'ammoniac. Mais la plus grande part de cet ammoniac est utilisée *in situ* pour former de la glutamine.

A. Voie de l'ammoniogénèse

1. Transport cellulaire de la glutamine

La glutamine pénètre dans les cellules rénales tant par leur pôle basal (elle provient alors du sang) que par leur pôle tubulaire (elle provient alors du filtrat glomérulaire).

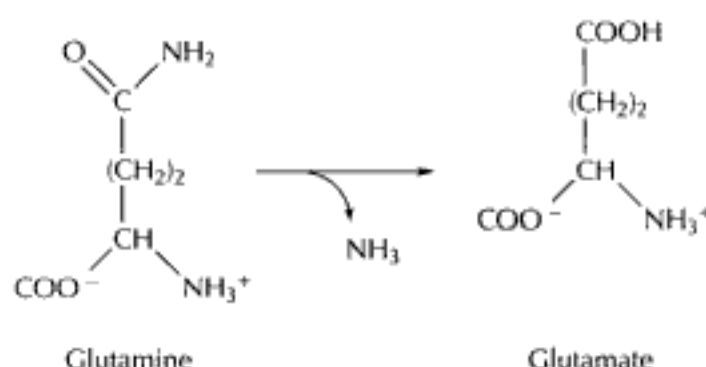
2. Désamination de la glutamine

Trois enzymes concourent à la désamination de la glutamine.

a) Glutaminase phosphodépendante

Il s'agit d'une enzyme localisée sur la membrane interne des mitochondries, existant sous une forme monomérique inactive (MM 160 000 Da) et sous une forme

dimérique active. La dimérisation est sous la dépendance du P_i . L'enzyme est inhibée par son produit de réaction, le glutamate.



b) Glutaminase phospho-indépendante (PIG)

Cette enzyme, localisée au niveau des membranes microsomiales et des bordures en brosse, possède à la fois une activité glutaminasique et une activité gamma-glutamyltranspeptidase :

glutamine + glutamine \rightarrow gamma-glutamylglutamine + NH_3

gamma-glutamylglutamine \rightarrow oxoproline + glutamine

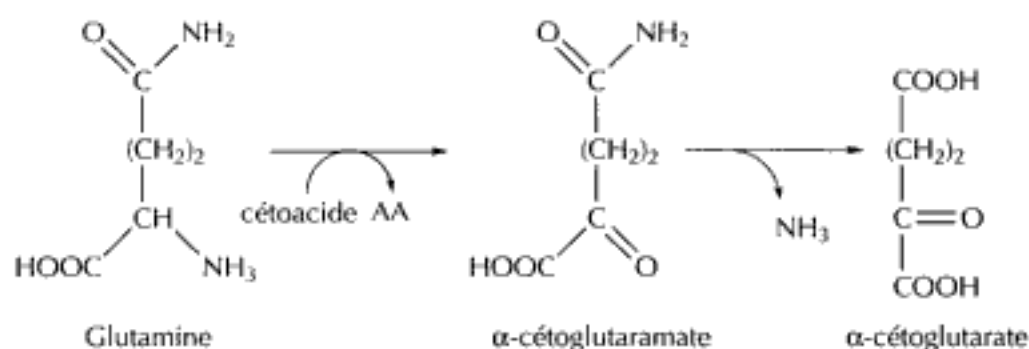
oxoproline \rightarrow glutamate + NH_3

soit au total :

glutamine \rightarrow glutamate + NH_3

c) Glutaminase II

Ce système, cytoplasmique et mitochondrial, se décompose en deux enzymes, une transaminase et une oméga-amidase :



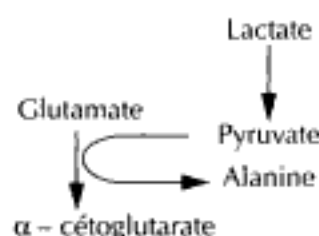
La part de ce système dans l'ammoniogenèse est très faible, inférieure à 5 %.

3. Catabolisme du glutamate

Le glutamate formé par déamidation de la glutamine (par les glutaminases phosphodépendante et phospho-indépendante) peut suivre deux voies métaboliques.

a) Voie de transamination

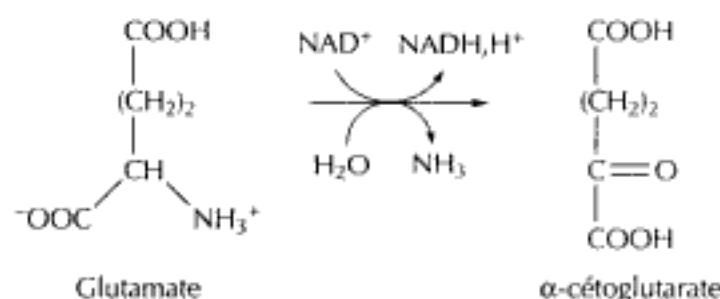
Cette voie rend compte, à l'état normal, d'environ 50 % de l'utilisation du glutamate.



Elle n'est pas inductible par l'acidose et n'augmente que lorsqu'il existe une hyperlactacidémie.

b) Voie de désamination

La réaction est catalysée par une enzyme mitochondriale, la glutamate déshydrogénase :



L'enzyme est inductible par l'acidose : la diminution du pH augmente l'affinité de l'enzyme pour le glutamate.

Remarque : au cours de son métabolisme ultérieur, l' α -cétoglutarate libère une molécule d' HCO_3^- réabsorbée dans la circulation.

4. Destinée du NH_3 produit

À peu de chose près, chaque molécule de glutamine captée par les cellules rénales produit deux molécules de NH_3 . Le NH_3 étant une molécule très diffusible, il passe très facilement dans la lumière tubulaire. Le pK_a du système $\text{NH}_3 + \text{H}^+ \rightarrow \text{NH}_4^+$ étant égal à 9, aux pH urinaires (acides), l'ammoniac se combine avec un proton pour donner l'ion ammonium (NH_4^+). Le NH_4^+ est en revanche très peu diffusible et est donc piégé dans les urines où il se combine à des anions.

B. Régulation de l'ammoniogénèse

Elle est assurée essentiellement par les produits des réactions, glutamate et ammoniac, qui inhibent respectivement les glutaminases et la glutamate déshydrogénase, et par le pH.

Au cours d'une acidose, l'abaissement du pH urinaire entraîne une séquestration accrue de NH_3 sous forme de NH_4^+ dans l'urine. Dans ces conditions, la concentration du NH_3 dans les cellules diminue, déplaçant l'équilibre de la réaction catalysée par la glutamate déshydrogénase dans le sens de la consommation du glutamate. Il s'en suit une activation des glutaminases. Cette levée d'inhibition, due à l'accéléra-

tion du flux des substrats, est renforcée par une action directe au niveau des enzymes : la diminution du pH entraîne une augmentation de l'affinité des glutaminases et de la glutamate déshydrogénase respectivement pour la glutamine et le glutamate.

C. Importance métabolique de l'ammoniogenèse rénale

Alors que l'ammoniogenèse rénale ne représente normalement qu'une faible part de l'élimination de l'azote excédentaire, cette voie métabolique prend toute son importance en situation d'acidose, soit, selon la conception classique, en favorisant l'élimination urinaire des protons et la réabsorption des bicarbonates, soit, suivant des théories plus récentes, en réduisant l'utilisation métabolique des bicarbonates (voir ci-dessous).

III. Relation entre uréogénèse et ammoniogenèse : maintien de l'homéostasie acide-base

Les données présentées dans les paragraphes précédents soulignent le rôle clé de la glutamine comme donneur d'azote pour la synthèse hépatique de l'urée et pour la synthèse rénale d'ammoniac. *A priori* complémentaires pour l'élimination de l'azote, uréogénèse et ammoniogenèse apparaissent en réalité comme des processus alternatifs, notamment en situation pathologique. En cas d'acidose, l'organisme doit augmenter sa production de glutamine pour satisfaire aux besoins rénaux. Le maintien d'une uréogénèse élevée serait en opposition avec la lutte contre l'acidose. L'existence de compartiments métaboliques dans le foie rend possible une adaptation en fonction de l'état acidobasique. Le foie comprend en effet deux populations d'hépatocytes :

- les hépatocytes périportaux (93 % du total) qui possèdent une activité glutaminase et les enzymes du cycle de l'urée ;
- les hépatocytes périveineux qui représentent seulement 7 % du total mais ont une activité métabolique cent fois supérieure à celle des hépatocytes périportaux. Ces cellules contiennent une glutamine synthétase.

Catabolisme et synthèse hépatique de glutamine sont donc deux processus qui fonctionnent simultanément mais à une vitesse différente selon la situation (fig. 5).

- En phase postprandiale, l'activité glutaminasique est très importante (voir plus haut). Les hépatocytes périveineux ne récupèrent que de faibles quantités de NH_3 et le foie est consommateur de glutamine.
- En phase interprandiale, utilisation et synthèse de glutamine s'équilibrent et le bilan est nul.
- En cas d'acidose, la glutaminase hépatique est inhibée. En effet, cette enzyme est très sensible au pH : une diminution du pH de 7,4 à 7,2 inhibe la glutaminase de 80 %. La synthèse d'urée en est d'autant plus réduite que :
 - la production de N-acétylglutamate, activateur obligatoire de la CPS-I (voir plus haut), diminue consécutivement à la réduction de la disponibilité en glutamate ;

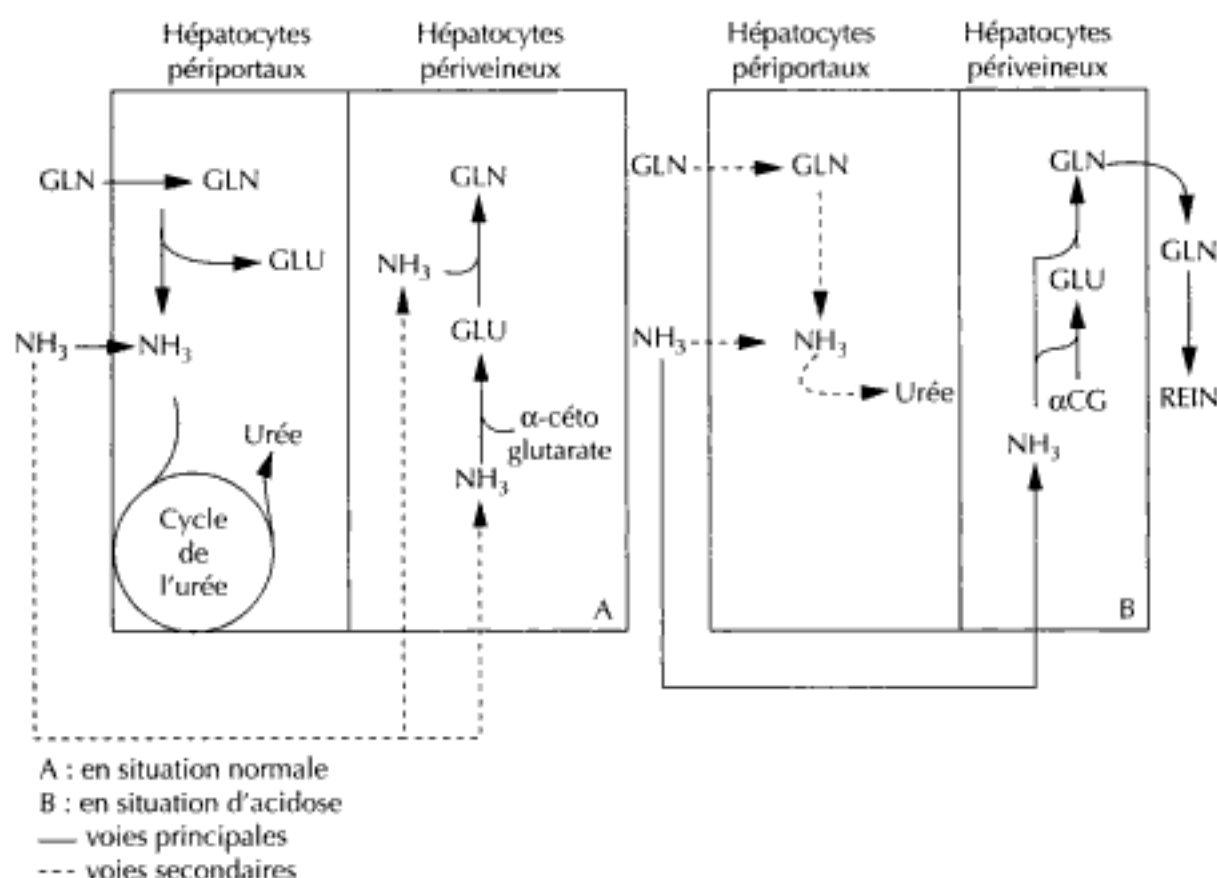
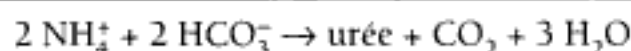
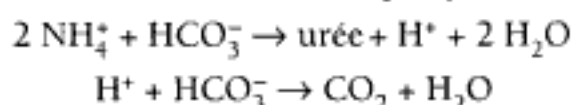


Figure 5. Métabolisme hépatique de la glutamine

– l'acidose déplace l'équilibre $\text{NH}_3\text{-NH}_4^+$ vers la formation de NH_4^+ alors que la CPS-I utilise préférentiellement NH_3 et pratiquement pas NH_4^+ . N'étant plus utilisé au niveau périportal, l'ammoniac est disponible pour la synthèse de glutamine au niveau péricaveux. Cette action est renforcée par l'inhibition pH-dépendante du transport cellulaire de nombreux acides aminés, dont l'alanine et la glutamine. Ainsi, en situation d'acidose, la consommation périportale de glutamine décroît et la production péricaveuse de cet acide aminé s'accroît considérablement. Le foie produit donc de grandes quantités de glutamine disponibles pour le rein, où son métabolisme s'oppose à l'acidose.

Remarque importante : contrairement à la glutaminase hépatique, les glutaminases rénales sont activées par la diminution de pH. Cette donnée illustre bien le fonctionnement synchrone du foie et du rein vis-à-vis du métabolisme de la glutamine. L'inhibition de la glutaminase et de l'uréogénèse hépatique concourt à la lutte contre l'acidose par un second mécanisme non moins important : en effet, l'uréogénèse peut être vue comme la neutralisation réciproque de deux NH_4^+ et deux HCO_3^-

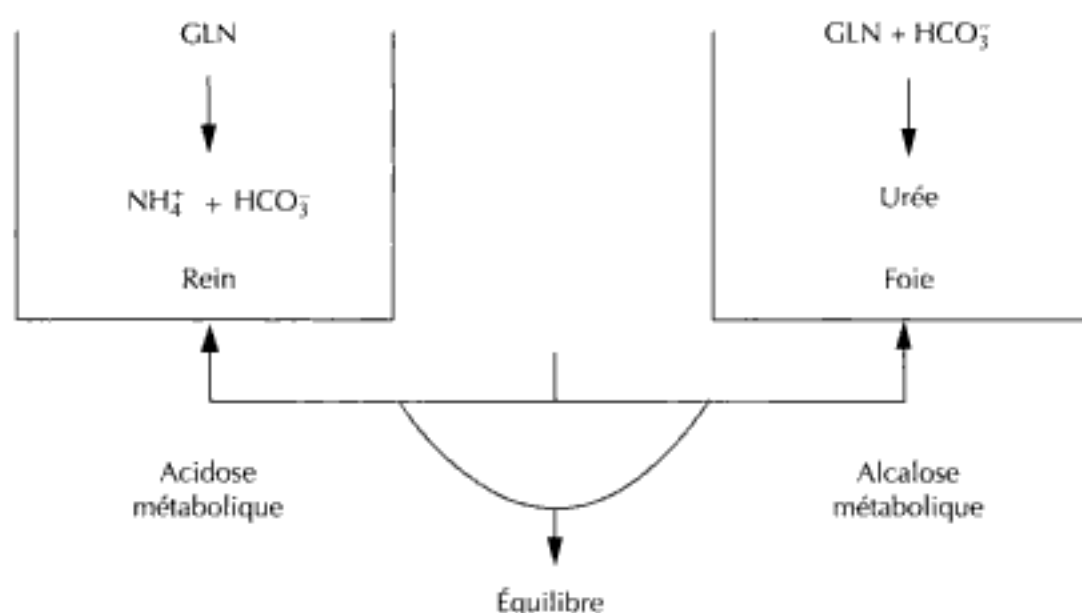


L'inhibition de l'uréogénèse en situation d'acidose conduit donc à l'économie de HCO_3^- qui concourt à l'homéostasie acide-base.

Pour certains, la modulation de la consommation hépatique de HCO_3^- est une fonction de l'uréogénèse aussi importante que celle de détoxification de l'azote.

Conclusion

Uréogénèse et ammoniogénèse sont, chez l'homme, les deux principaux processus d'élimination de l'azote excédentaire. Toutefois, à l'état normal, l'importance quantitative de ces deux voies est très différente puisque l'uréogénèse concourt à l'épuration de 90 % de l'azote et l'ammoniogénèse seulement de 2,5 à 4,5 %. À côté de cette fonction, ces deux voies métaboliques jouent un rôle fondamental dans le contrôle de l'équilibre acide-base en grande partie par l'intermédiaire de la régulation du métabolisme d'un acide aminé, la glutamine (fig. 6).



(D'après Welbourne TC. in : Häussinger D, pH homeostasis, mechanisms and control. Academic Press, 1988 : 379-401.)

Figure 6. Rôle de la glutamine (GLN), de l'ammoniogénèse et de l'uréogénèse dans l'équilibre acide-base.

Pour en savoir plus

- Cynober L. *Traité de nutrition artificielle de l'adulte*. Springer Verlag, 2001.
- Cynober L. *Metabolic and therapeutic aspects of amino acids in clinical nutrition*. Boca Raton (États-Unis) CRC Press, 2004.
- Cynober L. « Amino acid metabolism » in *Encyclopedia of biological chemistry* (Elsevier Inc., New York, États-Unis) 2004 ; 1 : 90-5.
- Giraudet P. *Biochimie tissulaire humaine*. Tome 5 : *Le Rein*. Paris, Maloine, 1980.
- Häussinger D. *pH Homeostasis, mechanism and control*. San Diego (États-Unis), Academic Press, 1988.
- Meijer A. J., Lamers W. H., Chamuleau R. A. Nitrogen metabolism and ornithine cycle function. *Physiol Rev* 1990 ; 70 : 701-48.

Cétogenèse

N. MOATTI, B. BAUDIN

Laboratoire de biochimie, UFR de pharmacie, Paris-XI.

I. Mécanismes de la cétogenèse

- A.** Séquences métaboliques et principaux corps cétoniques
- B.** Origine des substrats
- C.** Cétolyse

II. Régulation de la cétogenèse

- A.** Régulation extrahépatique
- B.** Régulation hépatique

III. Avantages métaboliques de la cétogenèse

La cétogenèse est la formation par l'organisme de corps cétoniques. Le terme de « corps cétoniques », impropre mais consacré par l'usage, définit un groupe de trois métabolites normaux de l'organisme : l'acétoacétate, le 3-hydroxybutyrate et l'acétone. Considérés pendant longtemps comme des produits de déchets d'un métabolisme anormal, il est actuellement bien établi que les corps cétoniques sont des substrats énergétiques à la fois pour le cerveau et les tissus périphériques susceptibles de remplacer, dans certaines circonstances, les autres nutriments, glucose et acides gras. Après avoir rappelé les mécanismes de la cétogenèse, nous traiterons de sa régulation et donnerons ses avantages métaboliques.

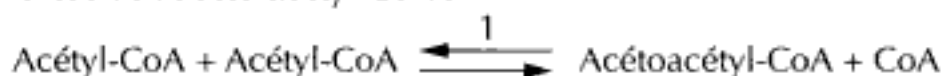
I. Mécanismes de la cétogenèse

Les corps cétoniques sont synthétisés essentiellement par le foie. La cétogenèse extrahépatique ne joue qu'un rôle mineur : le rein produit une petite quantité d'acétoacétate qui est utilisée localement.

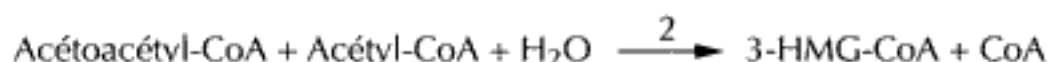
A. Séquences métaboliques et principaux corps cétoniques

Processus intramitochondrial, la cétogenèse comporte quatre étapes :

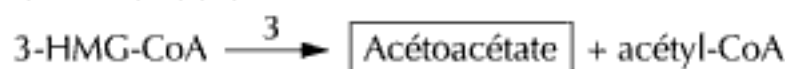
- 1 - Synthèse de l'acéto-acétyl-CoA :



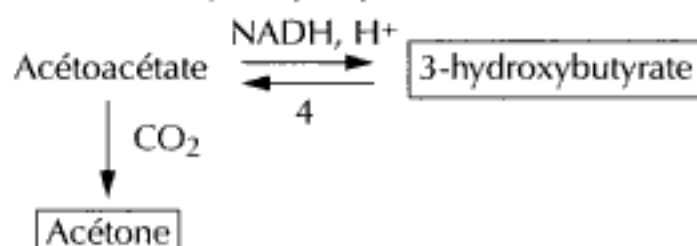
- 2 - Synthèse du 3-hydroxy-3-méthylglutaryl-CoA (3-HMG-CoA) :



- 3 - Synthèse de l'acétoacétate :



- 4 - Synthèse du 3-hydroxybutyrate :



(1) Acétoacétyl-CoA thiolase

(2) HMG-CoA synthase

(3) HMG-CoA lyase

(4) 3-hydroxybutyrate deshydrogénase

Les trois principaux corps cétoniques sont donc :

- l'acétoacétate $\text{CH}_3\text{-CH}_2\text{-CO-COOH}$
- le 3-hydroxybutyrate $\text{CH}_3\text{-CH}_2\text{-CHOH-COOH}$
- l'acétone $\text{CH}_3\text{-CO-CH}_3$.

Les quatre enzymes impliquées dans la cétogenèse ont été retrouvées dans divers tissus extrahépatiques. Cependant, l'HMG-CoA synthase, considérée comme l'enzyme limitante de la séquence métabolique aboutissant à la formation des corps cétoniques, n'est présente que dans le foie, faisant de cet organe le site privilégié de la cétogenèse. L'équilibre entre le 3-hydroxybutyrate et l'acétoacétate est contrôlé par le rapport mitochondrial entre NAD^+ et NADH , H^+ . L'acétone est formée par décarboxylation spontanée de l'acétoacétate en excès : elle est partiellement éliminée par voie respiratoire (odeur acétonique de l'haleine par exemple dans les affections hépatiques et le coma diabétique acido-cétonique). Ces trois corps cétoniques sont éliminés partiellement par voie rénale (corps cétoniques dans les urines). Leurs concentrations plasmatiques sont faibles ($< 0,25 \text{ mmol/l}$ à jeun), avec trois fois plus de 3-hydroxybutyrate que d'acéto-acétate, tous deux sont des acides faibles donc presque entièrement ionisés en pH de l'organisme. Une cétose ou accumulation des corps cétoniques dans les liquides extracellulaires apparaît en cas de déséquilibre entre la production (cétogenèse) et l'utilisation tissulaire (cétolyse). En règle générale, une augmentation de la cétonémie correspond davantage à une activation de la cétogenèse qu'à un ralentissement de la cétolyse.

B. Origine des substrats

L'acétyl-CoA, substrat de base de la cétogenèse, peut avoir plusieurs origines.

1. Acides gras à longues chaînes

La β -oxydation mitochondriale des acides gras à longue chaîne est la source principale des molécules d'acétyl-CoA au niveau hépatique. Les acides gras qui parviennent au foie proviennent de l'hydrolyse des triglycérides stockés dans le tissu adipeux et des lipoprotéines circulantes.

Les acides gras sont activés en acyl-CoA par des acyl-CoA synthétases variant selon la longueur de la chaîne. Le passage au travers de la membrane mitochondriale des acyl-CoA s'effectue grâce à l'intervention de la carnitine et implique trois enzymes :

- la *carnitine palmitoyltransférase de type I*, qui assure, au niveau de la membrane externe mitochondriale, le transfert sur la carnitine des acyl-CoA (carnitine + acyl-CoA \rightarrow acylcarnitine) ;
- la *carnitine acylcarnitine translocase* qui assure la diffusion des acylcarnitines formées dans l'espace intermembranaire, jusqu'à la membrane mitochondriale interne ;
- la *carnitine palmitoyltransférase de type II*, qui libère dans la mitochondrie les acyl-CoA qui seront dégradés par β -oxydation. Ce processus couvre la presque totalité des besoins énergétiques hépatiques. Les molécules d'acétyl-CoA formées peuvent s'engager dans diverses voies dont l'importance varie en fonction des conditions métaboliques de l'hépatocyte : la cétogenèse constitue une de ces voies (voir « Régulation de la cétogenèse »).

2. Pyruvate

La décarboxylation oxydante du pyruvate par le complexe pyruvate-déshydrogénase aboutit à la formation d'acétyl-CoA. Le pyruvate provient soit du glucose par la voie glycolytique (dans les conditions physiologiques, la glycolyse hépatique est très faible), soit du lactate, soit du métabolisme de divers acides aminés (alanine, notamment).

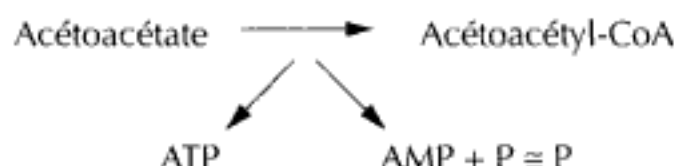
Dans le foie, la formation d'acétyl-CoA à partir du pyruvate est limitée car la pyruvate déshydrogénase est inhibée par les quantités importantes d'acétyl-CoA et d'adénosine triphosphate (ATP) provenant de la dégradation des acides gras : le pyruvate s'engage essentiellement vers la gluconéogenèse.

3. Leucine et isoleucine

Le catabolisme de ces deux acides aminés conduit à la formation d'acétyl-CoA. Mais si la leucine est potentiellement cétogénique, son rôle reste négligeable dans la mesure où cet acide aminé n'est pas utilisé à des fins énergétiques dans le foie.

C. Cétolyse

Chez l'homme, les corps cétoniques produits par le foie sont utilisables par les tissus périphériques ; par le NADH, H⁺, le 3-hydroxybuturate peut redonner l'acétoacétate (voir plus haut) et ce dernier l'acétylCoA selon :



Réaction catalysée par une thiokinase périphérique.

L'acétoacétyl-CoA peut redonner 2 acétyl-CoA (réaction inverse de celle vue plus haut), utilisables dans le cycle de Krebs. Même l'acétone est en partie réutilisable à des fins énergétiques soit par la conversion en glycérol, soit en redonnant de l'acétyl CoA.

II. Régulation de la cétoгенèse

Divers mécanismes permettent d'adapter la cétoгенèse selon l'utilisation des corps cétoniques. Cette régulation, parfaitement coordonnée avec les autres métabolismes, s'effectue principalement au niveau du tissu adipeux et du foie. Deux conditions doivent être requises pour qu'il y ait cétoгенèse :

- le foie doit disposer d'une quantité suffisante de substrats précurseurs représentés essentiellement par les acides gras circulants produits par le tissu adipeux ;
- le métabolisme intrahépatique et sa régulation doivent permettre la formation des corps cétoniques.

A. Régulation extrahépatique

L'équilibre entre la biosynthèse des triglycérides et leur hydrolyse, au niveau du tissu adipeux, conditionne la quantité d'acides gras circulants. Cet équilibre est lui-même dépendant des conditions nutritionnelles et hormonales.

Divers agents stimulent la lipolyse adipocytaire (catécholamines, glucagon, cortisol, etc.). Une augmentation de la quantité d'acides gras stimule la cétogenèse non seulement par un effet de masse mais également en orientant le métabolisme hépatique des acides gras vers la cétogenèse.

L'insuline joue un rôle déterminant : elle est le principal facteur anticétogénique en exerçant à la fois un effet antilipolytique direct et un effet lipogénique ; elle s'oppose aux effets cétogéniques des catécholamines, glucagon et cortisol.

Les corps cétoniques eux-mêmes peuvent freiner leur propre synthèse par deux mécanismes : ils stimulent la sécrétion d'insuline et s'opposent à la libération des acides gras par le tissu adipeux.

B. Régulation hépatique

Contrairement au tissu adipeux soumis à un impact hormonal direct, le métabolisme hépatique est contrôlé par divers métabolites intervenant au niveau d'enzymes-clés. Un *premier carrefour de régulation* concerne la répartition des acides gras entre leurs deux voies d'utilisation hépatique : estérification et incorporation dans les lipoprotéines plasmatiques d'une part, oxydation mitochondriale d'autre part.

Le malonyl-CoA, produit de la première réaction de la synthèse des acides gras catalysée par l'acétyl-CoA carboxylase, joue un rôle déterminant dans la régulation de la cétogenèse : à doses micromolaires, il inhibe la carnitine acyltransférase-I (CAT-1) et s'oppose au transfert intramitochondrial et à l'oxydation des acides gras. La concentration hépatique de ce métabolite dépend de l'activité de l'acétyl-CoA carboxylase modulée elle-même par les taux respectifs d'insuline (I) et de glucagon (G), et par les concentrations d'acides gras et de citrate.

Deux situations opposées peuvent se rencontrer :

- si les *apports de glucose sont élevés*, le rapport G/I diminue, l'acétyl-CoA carboxylase qui contrôle la synthèse du malonyl-CoA est activée, la CAT-1 est inhibée et par là même la cétogenèse. Dans ces conditions, le rôle physiologique du malonyl-CoA est d'assurer le flux unidirectionnel des atomes de carbone du glucose (ou d'autres précurseurs du pyruvate) vers la formation de triglycérides et de lipoprotéines ;
- si les *apports de glucose sont faibles*, le rapport G/I augmente, la concentration de malonyl-CoA est faible, l'inhibition de la CAT-1 est levée, ce qui permet l'oxydation des acides gras et la cétogenèse.

Il est important de noter que les conditions de carence glucidique qui stimulent la production des corps cétoniques entraînent parallèlement une augmentation de la concentration hépatique de carnitine et une déplétion des stocks de glycogène favorables à l'activité de la CAT-1.

Au total, les taux intracellulaires d'acides gras (substrats de la CAT), de carnitine (cosubstrat de la CAT) et de malonyl-CoA (inhibiteur de la CAT) contrôlent directement ou indirectement la production de corps cétoniques par le foie.

Le deuxième carrefour métabolique de régulation se situe au niveau de l'utilisation du produit de la β -oxydation des acides gras, l'acétyl-CoA, soit vers la synthèse d'acétoacétyl-CoA (cétogenèse), soit vers la synthèse de citrate (métabolisé par le cycle de Krebs ou source d'acétyl-CoA cytoplasmique).

L'acétoacétyl-CoA thiolase et l'HMG-CoA synthase qui catalysent les deux premières réactions de la cétogenèse (voir avant) sont inhibées par l'acétoacétyl-CoA. La concentration de ce métabolite dépend en grande partie du rapport $\text{NADH}, \text{H}^+/\text{NAD}^+$: une augmentation du taux de NADH, H^+ (consécutive à la β -oxydation des acides gras) diminue sa concentration et permet à la cétogenèse de s'effectuer.

L'utilisation de l'acétyl-CoA par le cycle de Krebs est principalement liée à la disponibilité en oxaloacétate ($\text{acétyl-CoA} + \text{OAA} \rightarrow \text{citrate}$), elle-même fonction de l'équilibre existant entre le taux de formation (carboxylation du pyruvate issu des précurseurs glycogéniques) et le taux d'utilisation pour les besoins de la gluconéogenèse. La cétogenèse et la gluconéogenèse sont des processus interdépendants : cependant, leurs intensités respectives dépendent de l'apport au foie des substrats nécessaires à la gluconéogenèse (acides aminés, notamment alanine, lactate, etc.). Si ces derniers sont présents en quantité peu importante, les concentrations de pyruvate et d'oxaloacétate sont faibles et la gluconéogenèse tend à décroître au profit de la cétogenèse. Dans le cas contraire, la concentration d'oxaloacétate augmente, dépassant les possibilités d'utilisation pour la gluconéogenèse. L'excès d'oxaloacétate permet à l'acétyl-CoA de s'engager dans la voie de synthèse du citrate et la cétogenèse diminue. Notons cependant que le niveau d'activité du cycle de Krebs reste faible tant que persistent les conditions métaboliques favorables à la gluconéogenèse et à la cétogenèse (fourniture d'ATP et de pouvoir réducteur par le catabolisme des acides gras). Au total, la cétogenèse est peu importante quand la production hépatique de glucose est accrue. Ces données permettent d'expliquer l'effet anticétogénique direct de l'alanine. Inversement, les corps cétoniques sont capables, en freinant la protéolyse musculaire, de contrôler indirectement la production de glucose.

Certaines circonstances (jeûne prolongé sévère, diabète non contrôlé) conduisent à une surproduction de corps cétoniques. Dans les deux cas, la gluconéogenèse « détourne » l'oxaloacétate, entraînant une déplétion des intermédiaires du cycle de Krebs, ce qui accroît la conversion d'acétyl-CoA en acétoacétate (le coenzyme A libéré permet à la β -oxydation des acides gras de se poursuivre). La surproduction hépatique des corps cétoniques dépassant la capacité qu'ont les tissus extrahépatiques de les oxyder majore les concentrations circulantes d'acétoacétate et de 3-hydroxybutyrate, créant ainsi une acidose métabolique.

III. Avantages métaboliques de la cétogenèse

La cétogenèse doit être intégrée dans le contexte général des besoins énergétiques de l'organisme. Toute diminution de l'apport en glucose va entraîner une augmentation de la lipolyse adipocytaire. Les acides gras libérés dans la circulation et qui n'ont pas été utilisés par les tissus extrahépatiques sont captés par le

foie. La stimulation de la cétogenèse qui en résulte présente un certain nombre d'avantages :

- les corps cétoniques sont solubles dans l'eau et pénètrent plus facilement dans les tissus que les acides gras ;
- les corps cétoniques sont utilisés préférentiellement par certains tissus, les muscles squelettiques comme le myocarde et surtout le cerveau (ce dernier organe n'est pas capable d'utiliser les acides gras) ;
- les corps cétoniques épargnent le glucose circulant disponible pour les tissus exclusivement glucodépendants ;
- les corps cétoniques ont une action antilipolytique, ce qui évite une libération excessive d'acides gras ;
- les corps cétoniques diminuent la protéolyse musculaire et épargnent ainsi le capital protéique de l'organisme.

L'essentiel de la question

La cétogenèse est la formation des corps cétoniques qui sont principalement le 3-hydroxybutyrate, l'acéto-acétate et l'acétone. Ils sont synthétisés essentiellement dans les hépatocytes au cours de réactions catalysées par des enzymes mitochondriales et à partir de divers substrats eux-mêmes potentiellement énergétiques par l'acétylCoA ; les acides gras à longues chaînes sont les principaux fournisseurs d'acétylCoA, viennent ensuite le pyruvate et certains acides aminés. La cétogenèse est finement régulée, au niveau extra-hépatique par des hormones, l'insuline qui est anti-cétogénique, les catécholamines, glucagon et cortisol, eux manifestant des effets cétogéniques, et au niveau hépatique par les apports de glucose et d'acides gras, cétogenèse et gluconéogenèse étant des processus inter-dépendants. Les corps cétoniques sont solubles dans l'eau et passent facilement dans les tissus, ils représentent un apport énergétique important, en particulier au cours du jeûne prolongé en épargnant le capital protéique de l'organisme et le glucose circulant disponible pour les tissus exclusivement glucodépendants comme le cerveau. Les corps cétoniques circulent dans le plasma (cétonurie) et sont éliminés, si non utilisés ou si produits en excès, par le rein (cétonémie). Leurs recherche et dosage (du 3-hydroxy-butyratessentiellement) sont utiles dans le cadre du diagnostic du coma diabétique acido-cétosique et chaque fois qu'un excès d'activation de la cétogenèse est suspecté, comme l'intoxication alcoolique.

Hidden page



Structure et métabolisme des lipoprotéines

S. LESTAVEL, A. TAILLEUX

Faculté des sciences pharmaceutiques et biologiques, Université Lille-II,
et Inserm U545, Institut Pasteur de Lille.

T. BROUSSEAU, Faculté des sciences pharmaceutiques et biologiques,
Université Lille-II, et Inserm U744, Institut Pasteur de Lille.

I. Structure des lipoprotéines plasmatiques

- A.** Composants des lipoprotéines
- B.** Classification des lipoprotéines
- C.** Composition des lipoprotéines

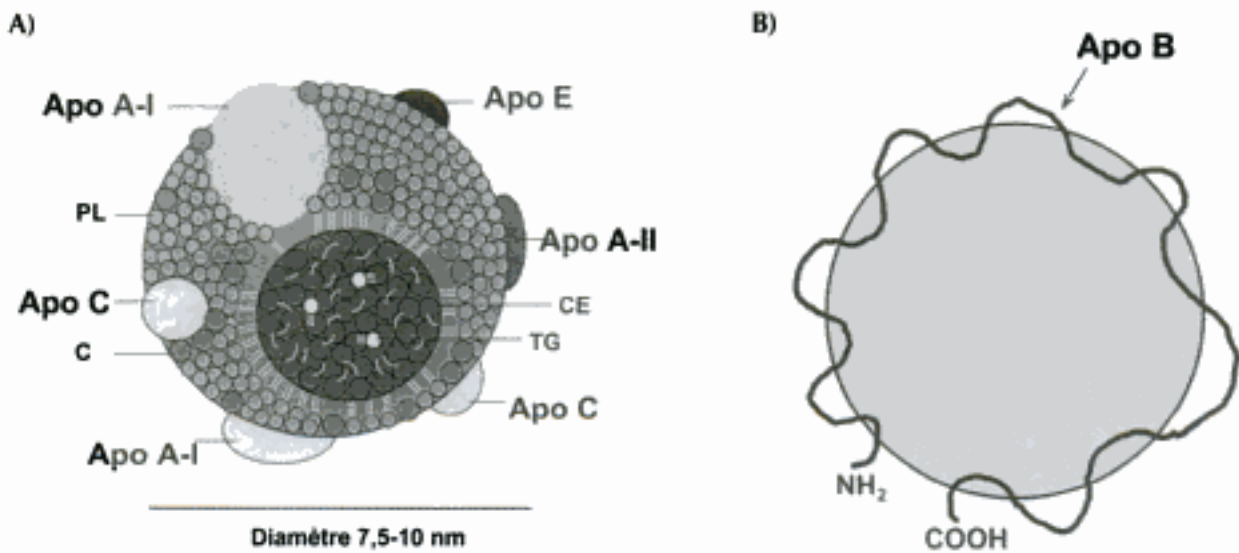
II. Métabolisme des lipoprotéines

- A.** Chylomicrons
- B.** VLDL
- C.** LDL
- D.** HDL et transport inverse du cholestérol

III. Cibles thérapeutiques

Il existe deux organes principaux fournissant les lipides à l'organisme : l'intestin (lipides exogènes) et le foie (lipides endogènes). Ces lipides sont prioritairement utilisés par tous les tissus de l'organisme, même si la plupart d'entre eux sont capables de synthétiser certains lipides, et en particulier le cholestérol. Les lipides, molécules hydrophobes, circulent dans le sang en association avec des protéines spécifiques, les apolipoprotéines, sous forme de complexes macromoléculaires solubles en milieux aqueux appelés lipoprotéines.

Les lipoprotéines plasmatiques ont généralement une structure sphérique dans laquelle le « noyau » est constitué de lipides très hydrophobes : triglycérides (TG) et cholestérol estérifié (CE). L'enveloppe est composée de phospholipides (PL) choliniques, de cholestérol non estérifié (C) et d'apolipoprotéines (apo). La structure tertiaire des apolipoprotéines contient des zones hydrophobes incluses dans la masse lipidique et des zones hydrophiles tournées vers l'extérieur (milieu plasmatique) (fig. 1).



C, cholestérol ; CE, cholestérol estérifié ; TG, triglycérides ; PL, phospholipides ; apo, apolipoprotéine.

Figure 1. Représentation schématique d'une lipoprotéine plasmatique A) de type HDL avec son cœur hydrophobe et sa surface polaire et B) de type LDL avec la chaîne peptidique de l'apo B100 (le long de la séquence, on peut observer des zones hydrophiles situées à l'extérieur de la lipoprotéine et des zones hydrophobes enfouies dans la masse lipidique)

Les lipoprotéines peuvent véhiculer des enzymes et des protéines de transfert des lipides indispensables à leur métabolisme, ainsi que des molécules ayant une certaine affinité pour les lipides (albumine, glycolipides, peptides, urée, pigments...). Les lipoprotéines peuvent aussi jouer le rôle de transporteurs pour des molécules hydrophobes comme des vitamines ou des médicaments.

Les associations moléculaires non covalentes que forment les lipoprotéines subissent dans la circulation sanguine des remaniements permanents : des échanges et des transferts ont lieu entre les différentes lipoprotéines et avec les cellules. La composition des lipoprotéines résulte donc d'un équilibre dynamique dépendant de l'apport alimentaire, des activités de l'organisme et des agressions dont il est l'objet. On peut constater aussi une grande hétérogénéité des lipoprotéines qui rend difficile leur classification et leur dosage.

Nous décrirons tout d'abord les principaux composants des lipoprotéines, puis nous verrons comment ils s'organisent dans les lipoprotéines. Cela nous conduira à discuter

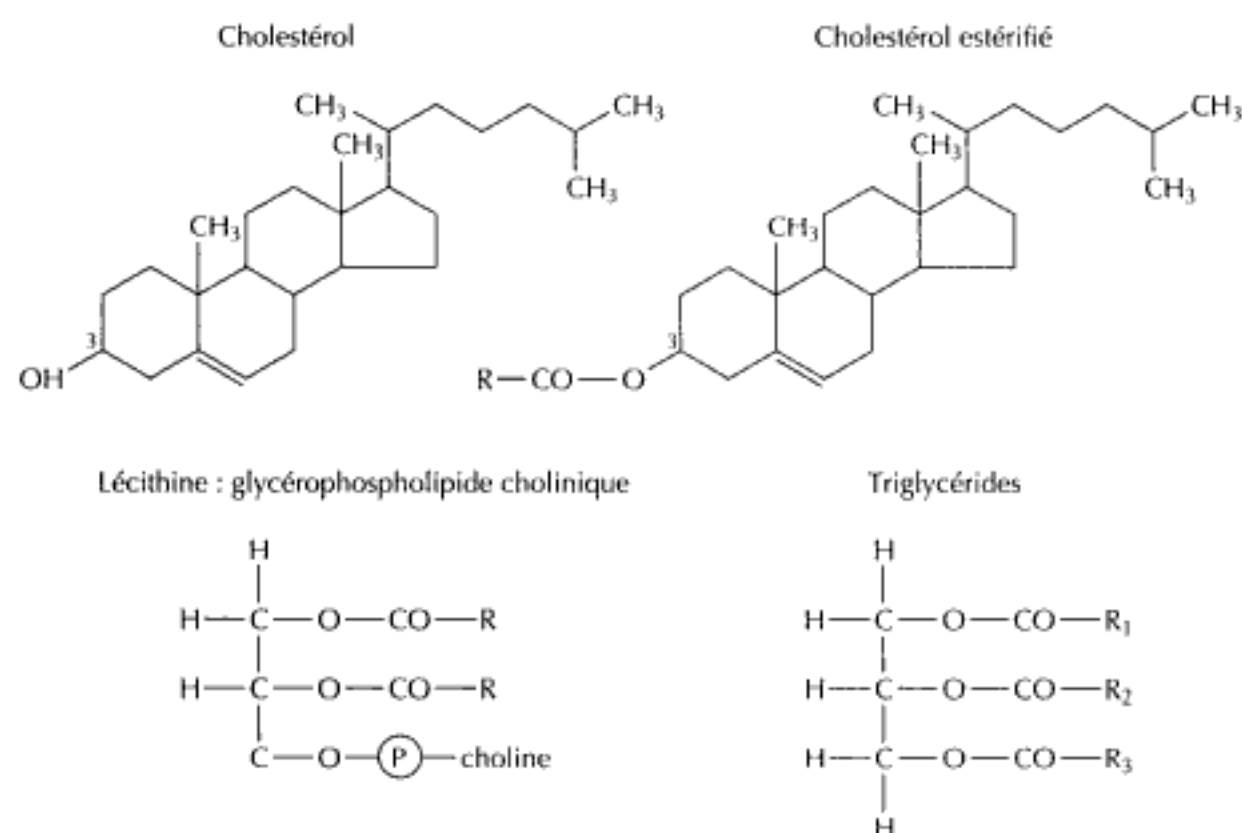
des différentes classifications proposées. Enfin, nous verrons comment la structure des lipoprotéines évolue au cours du métabolisme physiologique chez l'homme. Nous ne traiterons pas des différents modèles animaux du métabolisme des lipoprotéines, mais il faut savoir qu'il est très variable d'une espèce à une autre et qu'il faut en tenir compte dans les études pharmacologiques.

I. Structure des lipoprotéines plasmatiques

A. Composants des lipoprotéines

1. Lipides

La plupart des lipides contenus dans les lipoprotéines (fig. 2) sont synthétisés dans les cellules intestinales à partir des apports alimentaires ou dans les cellules hépatiques. L'alimentation occidentale apporte environ 40 % de l'énergie sous forme de lipides (essentiellement des triglycérides) alors que les nutritionnistes préconisent un apport de 33 %. L'apport quotidien de lipides alimentaires est de 100 à 150 g. Les lipides sont indispensables aux cellules comme précurseurs dans un grand nombre de biosynthèses spécifiques (lipides membranaires, hormones stéroïdes) ou comme source d'énergie.



Le glycérol, le cholestérol et la glycérophosphatidylcholine sont estérifiés par des acides gras ($R-CO-OH$) pour former les esters de cholestérol, les triglycérides et les phospholipides.

Figure 2. Formule chimique des principaux lipides plasmatiques

Les acides gras (AG) qui permettent de former les esters de cholestérol, les triglycérides et les phospholipides varient par leur longueur et leur degré d'insaturation. La nature de ces acides gras dépend en partie des apports alimentaires et semble influencer le métabolisme des lipoprotéines bien que les mécanismes mis en jeu soient actuellement mal connus. Les acides gras peuvent circuler dans le plasma sous forme non estérifiée. Ils sont alors associés à l'albumine et ont une demi-vie très courte (quelques minutes).

a) Cholestérol

Le cholestérol est indispensable au fonctionnement de l'organisme. Il intervient dans la structure des membranes cellulaires et sert de précurseur à la synthèse des hormones stéroïdes. Toutes les cellules de l'organisme ont l'équipement enzymatique nécessaire à la biosynthèse de cholestérol à partir de l'acétate. Cette biosynthèse est régulée par les apports de cholestérol venant des lipoprotéines plasmatiques. La régulation se fait au niveau de l'hydroxyméthylglutaryl-coenzyme A réductase (HMG-CoA réductase), enzyme clé du métabolisme du cholestérol. Le cholestérol plasmatique provient essentiellement de la synthèse hépatique (0,7 à 0,9 g/j) et de l'apport alimentaire très variable selon les individus (0,1 à 1 g/j). L'estérification du cholestérol est assurée dans le plasma par la lécithine-cholestérol-acyltransférase (LCAT) (fig. 3), et dans les cellules par l'acylCoA-cholestérol-acyltransférase (ACAT). Le catabolisme du cholestérol a lieu exclusivement dans l'hépatocyte. Les acides biliaires formés sont excrétés par les voies biliaires et participent à l'absorption intestinale des lipides alimentaires.

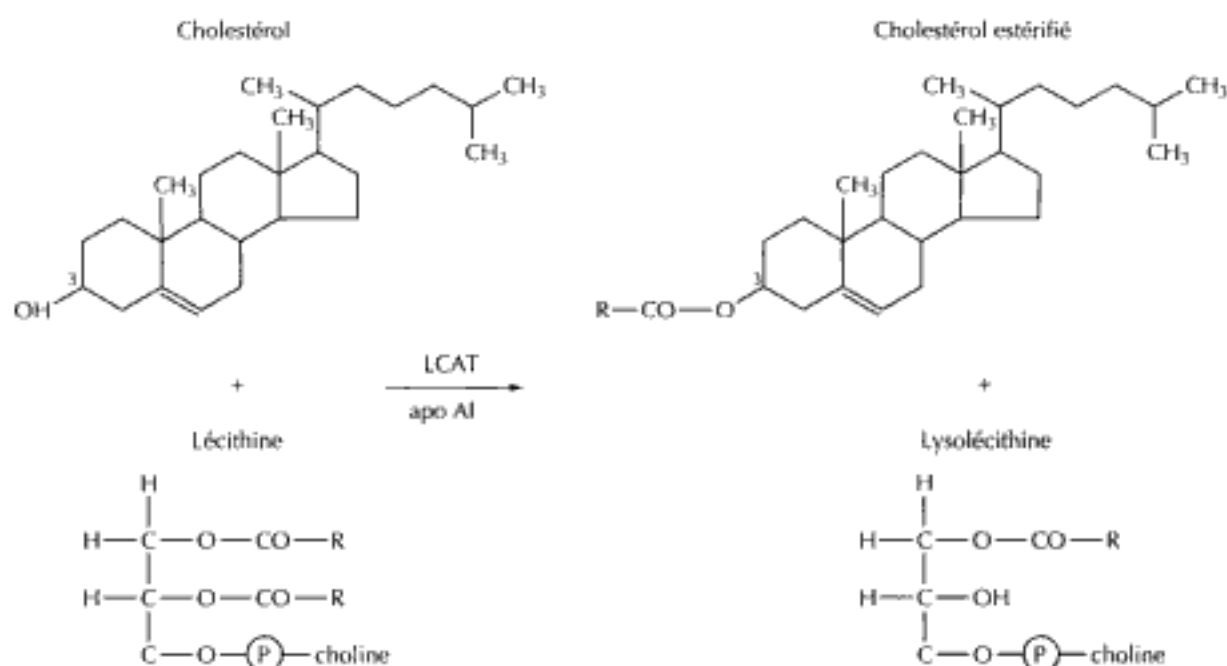


Figure 3. La LCAT associée aux HDL.

b) Triglycérides

Les triglycérides sont formés par estérification d'une molécule de glycérol par trois molécules d'acides gras qui peuvent être identiques ou différents. Ils représentent la forme de transport et de stockage des acides gras. Les acides gras constituent une

source importante d'énergie. On estime que leur catabolisme par oxydation fournit plus de 40 % des besoins énergétiques d'un sujet sain ayant un régime équilibré. La biosynthèse des triglycérides plasmatiques s'effectue essentiellement sur trois sites :

- *l'entérocyte* : dans la lumière intestinale, les triglycérides alimentaires sont hydrolysés par la lipase pancréatique. Les acides gras et les 2-monoglycérides libérés sont réabsorbés par l'entérocyte. Dans l'entérocyte, les 2-monoglycérides sont réestérifiés en triglycérides et exportés dans la circulation associés aux lipoprotéines d'origine intestinale, les chylomicrons ;
- *l'hépatocyte* : les acides gras provenant de la synthèse hépatique ou de la circulation réagissent avec le 3-phospho-glycérol provenant de la glycolyse pour former des triglycérides et sont sécrétés dans la circulation associés aux lipoprotéines d'origine hépatique, les VLDL ;
- *l'adipocyte* : les acides gras provenant de l'hydrolyse des triglycérides plasmatiques réestérifient le glycérol et sont stockés sous forme de triglycérides dans l'adipocyte. Ces triglycérides seront réutilisés ultérieurement dans un but énergétique.

c) Phospholipides

Ce sont essentiellement des phospholipides choliniques (phosphatidyl et lyso-phosphatidyl cholines) et des sphingomyélines. Ce sont des constituants indispensables des membranes. Leur biosynthèse est hépatique (*de novo*) ou intestinale. Il s'agit dans ce dernier cas de resynthèse à partir des phospholipides alimentaires ou des phospholipides biliaires réabsorbés.

2. Apolipoprotéines

Les apolipoprotéines participent à la structure et aux différents processus du métabolisme des lipoprotéines : biosynthèse, sécrétion, maturation et transformation plasmatique, échanges de constituants avec les cellules de l'organisme, et catabolisme.

La nomenclature alphabétique des apolipoprotéines regroupe des protéines ayant des structures et des fonctions très différentes. On connaît actuellement dix apolipoprotéines principales, bien caractérisées, AI, AII, AIV, AV, B, CI, CII, CIII, D et E et une apolipoprotéine particulière, l'apo (a) (*tab. 1*). D'autres apolipoprotéines présentes à l'état de traces et dont le rôle est mal défini ont été découvertes ces dernières années. En dépit de la répartition des gènes des apolipoprotéines sur cinq chromosomes différents, les gènes de la plupart des apolipoprotéines (exceptées les apo B et D) dérivent probablement d'un gène ancestral commun. Contrairement aux apolipoprotéines E et D synthétisées dans de nombreux organes, les apolipoprotéines sont synthétisées exclusivement dans les deux organes responsables de la sécrétion des lipides plasmatiques : l'intestin et le foie.

Les apolipoprotéines étant pour la plupart des protéines sécrétées, elles sont synthétisées sous forme de propeptides et pour certaines de prépropeptides. Des modifications post-traductionnelles (glycosylations, phosphorylations, acylations par les AG, clivage enzymatique des pré- et propeptides...) ont lieu dans la cellule, mais certaines maturations peuvent aussi avoir lieu dans le compartiment plasmatique.

Tableau 1. Les principales apolipoprotéines

Apolipoprotéine (nb d'acides aminés)	Masse moléculaire (kDa)	Site de synthèse	Concentration plasmatique (g/L)	Fonction
Apo AI (243)	28	Foie, intestin	1,0 à 1,2	Activation LCAT, Ligand récepteurs HDL
Apo AII (2 × 77)	17	Foie, (intestin)	0,3 à 0,5	
Apo AIV (376)	46	Intestin	0,16	Activation LCAT
Apo AV (343)	39	Foie	0,0001 à 0,0002	Diminution production VLDL Activation hydrolyse TG par LPL
Apo B100 (4 536)	549	Foie	0,7 à 1	Sécrétion VLDL, ligand LDL-R
Apo B48 (2 152)	275	Intestin	0,03 à 0,05	Sécrétion chylomicrons
Apo CI (57)	6,5	Foie	0,04 à 0,06	
Apo CII (79)	8,5	Foie	0,03 à 0,05	Activation LPL
Apo CIII (79)	8,75	Foie	0,12 à 0,14	Inhibition LPL, Inhibition liaison LDL-R
Apo D (169)	22	Foie, muscle, placenta, intestin, cerveau...	0,06 à 0,07	
Apo E (299)	34	Foie, cerveau, macrophages, tissus stéroïdogènes	0,03 à 0,05	Ligand LDL-R, LRP, VLDL-R
Apo (a) (variable)	280 à 800	Foie	0 à 1	

La concentration plasmatique correspond à des valeurs généralement observées. Lorsque les fonctions des apolipoprotéines sont mal connues ou démontrées seulement *in vitro*, elles n'ont pas été signalées.

VLDL, *very low density lipoproteins*; LDL, *low density lipoproteins*; HDL, *high density lipoproteins*; LCAT, *lecithine-cholestérol-acyltransférase*; LPL, *lipoprotéine lipase*; LDL-R, *LDL récepteur*; LRP, *LDL receptor-related protein*; VLDL-R, *VLDL récepteur*.

a) Principales apolipoprotéines

■ Apolipoprotéine AI

L'apo AI est l'apolipoprotéine majeure des lipoprotéines de haute densité (HDL). Elle représente environ 70 % de la masse protéique des HDL. Sa concentration plasmatique est d'environ 1,2 g/L. Sa masse moléculaire est de 28 kDa pour 243 acides aminés. Le gène codant l'apo AI est situé sur le chromosome 11 dans un « cluster » comprenant les gènes des apo AI, CIII, AIV et AV. La synthèse de l'apo AI est à peu près également répartie entre l'intestin et le foie. On trouve donc de l'apo AI dans les lipoprotéines d'origine intestinale. L'augmentation de la concentration plasmatique d'apo AI est corrélée à une diminution du risque d'athérosclérose. L'apo AI joue un rôle très important dans le retour du cholestérol des tissus vers le foie par au moins deux mécanismes : d'une part, l'interaction de l'apo AI des HDL naissantes avec les cellules permet la sortie de cholestérol cellulaire, c'est ce qu'on appelle l'efflux de cholestérol. D'autre part, dans les lipoprotéines ayant capté le cholestérol cellulaire, l'apo AI est un activateur de la LCAT responsable de l'estérification du cholestérol plasmatique. Son taux de transfert entre les lipoprotéines est très élevé.

■ Apolipoprotéine AII

L'apo AII est quantitativement la deuxième apolipoprotéine des HDL et représente environ 20 % de leur masse protéique. Sa concentration plasmatique est de 0,3 à 0,5 g/L. Elle est constituée de deux chaînes protéiques de 77 acides aminés associées par un pont disulfure. Sa masse moléculaire est de 17,4 kDa. Son rôle physiologique est mal connu bien que certaines de ses propriétés *in vitro* soient antagonistes de celles de l'apo AI et qu'une augmentation plasmatique des lipoprotéines riches en apo AII ne soit pas toujours associée à une diminution du risque d'athérosclérose.

■ Apolipoprotéine AIV

L'apo AIV est essentiellement synthétisée par l'intestin et se trouve dans les lipoprotéines riches en triglycérides et dans les HDL. Elle est constituée de 376 acides aminés et sa masse moléculaire est de 46 kDa. Sa structure physico-chimique est proche de celle de l'apo AI et son rôle physiologique est mal connu.

■ Apolipoprotéine AV

L'apo AV a été découverte très récemment. Le gène codant l'apo AV est situé sur le chromosome 11 dans le « cluster » des gènes AI/CIII/AIV/AV. L'apo AV est synthétisée exclusivement par le foie. Constituée de 343 acides aminés, elle a une masse moléculaire de 39 kDa. Dans la circulation sanguine, l'apo AV est associée aux VLDL, aux chylomicrons et aux HDL. Sa concentration plasmatique, très faible par rapport aux autres apolipoprotéines, est d'environ 0,1 à 0,2 mg/L. Actuellement, on lui attribue un rôle dans le contrôle de la triglycéridémie : la concentration en apo AV est inversement proportionnelle à la concentration en triglycérides circulants. Le mécanisme d'action de l'apo AV sur l'homéostasie des triglycérides n'est pas élucidé, mais des arguments sont en faveur d'une diminution de la production hépatique des TG-VLDL et d'une augmentation de leur clairance hépatique.

■ Apolipoprotéines B

L'apo B est le constituant protéique majeur des lipoprotéines de basse densité. Sa concentration plasmatique est de 0,7 à 1 g/L environ et son augmentation est associée à un risque élevé d'athérosclérose. La synthèse d'apo B est nécessaire à la sécrétion dans le plasma des lipoprotéines riches en triglycérides d'origine intestinale et hépatique. L'association entre l'apo B et les lipides synthétisés se fait dans la lumière du réticulum endoplasmique, grâce à une enzyme, la *microsomal triglyceride transfer protein* (MTP), à la frontière entre le réticulum endoplasmique lisse, lieu de synthèse des lipides et le réticulum endoplasmique rugueux, lieu de synthèse de l'apo B. L'association lipides-apolipoprotéine est beaucoup plus étroite pour l'apo B que pour les autres apolipoprotéines, ce qui explique que l'apo B fasse partie intégrante d'une particule lipoprotéique et qu'elle ne sera pas échangée avec une autre particule pendant toute sa durée de vie plasmatique.

L'apo B est présente sous deux formes dans le plasma : l'apo B100, de masse moléculaire 549 kDa (4 536 acides aminés), est produite par le foie et l'apo B48, de masse moléculaire 275 kDa (48 % de l'apo B100), est produite par l'intestin. L'apo B48 correspond à l'extrémité aminotermine de l'apo B100. L'apo B100 et l'apo B48 sont les produits d'un même gène situé sur le chromosome 2. Leur ARN

messager est identique mais, dans l'intestin, une enzyme spécifique (la cytidine désaminase) introduit une substitution Cytidine → Uracile modifiant le codon 2153, qui devient un codon stop. L'apo B100 sera donc le marqueur des lipoprotéines d'origine hépatique tandis que l'apo B48 sera le marqueur des lipoprotéines d'origine intestinale. L'apo B100 possède près de son extrémité carboxy-terminale un site qui lui permet d'être reconnue par les récepteurs présents à la surface des cellules hépatiques et des cellules ayant besoin de cholestérol, récepteurs appelés « récepteurs des LDL » (lipoprotéines de basse densité). Ce site de liaison aux LDL récepteurs n'est pas présent dans l'apo B48.

■ Apolipoprotéines C

Les apo Cs sont des protéines de masse moléculaire inférieure à 10 kDa. Les gènes codant les apo CI et CII sont situés dans un même « cluster » avec l'apo E, sur le chromosome 19. Le gène codant l'apo CIII fait partie du « cluster » AI/AIV/AV/CIII. Le rôle physiologique de l'apo CI est mal connu. L'apo CII est indispensable à l'activité de la LPL qui hydrolyse les triglycérides plasmatiques pour permettre l'utilisation des acides gras par les tissus. L'apo CIII joue un rôle antagoniste de l'apo CII vis-à-vis de la LPL et inhibe la liaison des lipoprotéines de basse densité aux récepteurs hépatiques. Les apo Cs sont facilement échangeables entre les lipoprotéines. Les apo CI et CIII sont souvent associées à l'apo CII dans les lipoprotéines de basse densité et dans les lipoprotéines de haute densité.

■ Apolipoprotéine E

Dans un plasma normolipémique, l'apo E est également répartie entre les lipoprotéines de haute et de basse densité. Elle représente 10 à 20 % de la masse des protéines des VLDL et 1 à 2 % des protéines des HDL. Sa concentration plasmatique est d'environ 0,04 g/L. L'apo E est constituée de 299 acides aminés et a une masse moléculaire de 34 kDa. Son gène fait partie du « cluster » E/CI/CII. L'apo E joue un grand rôle dans la reconnaissance des lipoprotéines par les cellules. Deux types de récepteurs reconnaissent des séquences spécifiques sur l'apo E :

- des récepteurs essentiellement hépatiques, spécifiques de l'apo E, qui captent les lipoprotéines d'origine intestinale contenant de l'apo E. Ces récepteurs sont appelés « LRP » (pour « LDL-receptor related protein ») ou récepteurs des chylomicrons résiduels ;
- les récepteurs des LDL qui reconnaissent l'apo B, reconnaissent aussi l'apo E. On les appelle aussi récepteurs B, E. Comme nous le verrons, ils sont présents sur la plupart des cellules de l'organisme et régulés par le contenu cellulaire en cholestérol.

Différents variants de l'apo E sont présents dans les populations humaines. Ces variants ont des affinités différentes pour le LDL récepteur. L'apo E est aussi présente dans le liquide céphalorachidien et semble jouer un rôle majeur dans le métabolisme lipidique du cerveau.

■ Apolipoprotéine (a)

L'apo (a) est une glycoprotéine présente chez certains individus, en quantité très variable d'un sujet à l'autre. Elle peut être libre dans le plasma ou associée par un pont disulfure à l'apo B dans des lipoprotéines appelées Lp(a) (fig. 4). Sa masse

moléculaire est variable suivant les individus (280 à 800 kDa) et sa concentration plasmatique est inversement proportionnelle à sa taille. Cette variabilité d'origine génétique est due à l'existence d'une séquence répétée dans la séquence primaire de l'apo (a). L'apo (a) présente une similitude structurale très forte avec le plasminogène et il est vraisemblable que cette structure lui permet d'intervenir dans les mécanismes de thrombose par une action antifibrinolytique. La présence d'une concentration élevée de Lp(a) est associée à un risque élevé d'athérosclérose, mais son rôle physiopathologique est inconnu.

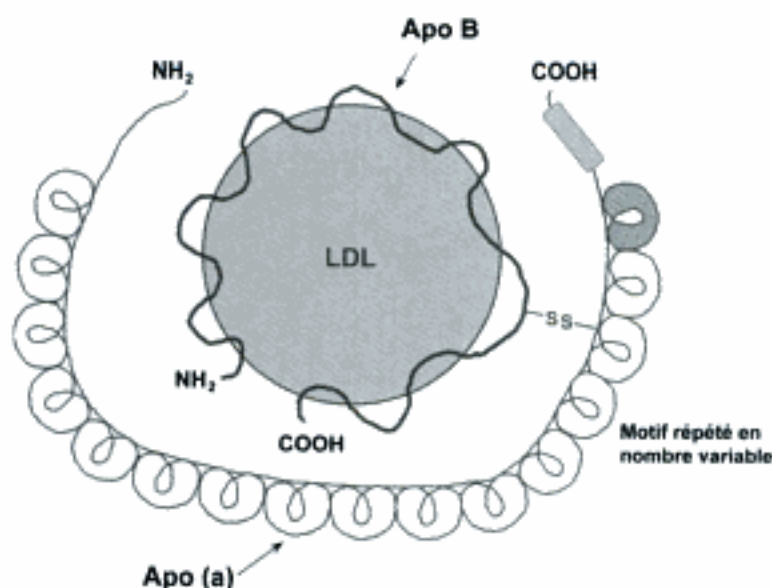


Figure 4. Structure de la Lp(a) : lipoprotéine composée d'une LDL avec, comme apolipoprotéine principale, l'apo B, associée par un pont disulfure à l'apo (a), protéine de taille variable ayant un motif commun avec le plasminogène. Ce motif est répété un nombre variable de fois suivant les individus

b) Rôle des apolipoprotéines

Parmi les fonctions des apolipoprotéines, le rôle de structure est fondamental. Il permet la cohésion des complexes lipides-protéines et leur solubilisation en milieu aqueux. Les associations lipides-protéines ont lieu dès l'étape de biosynthèse, à la limite du réticulum endoplasmique rugueux et du réticulum endoplasmique lisse. Elles sont favorisées par la nature hydrophobe de nombreuses régions des apolipoprotéines. Dans le cas de l'apo B, ces associations hydrophobes sur de grandes longueurs sont très stables et l'apo B fera partie intégrante de la lipoprotéine sécrétée jusqu'à son catabolisme final dans les lysosomes d'une cellule. Dans la structure secondaire des autres apolipoprotéines, on trouve en général plusieurs régions organisées en α -hélice amphiphile comportant une phase apolaire au contact des lipides transportés et une phase polaire au contact du compartiment plasmatique. Ces α -hélices ont une forte affinité pour les phospholipides auxquels elles s'associent pour donner des lipoprotéines de sécrétion discoïdales très stables. Lorsque ces lipoprotéines se chargent en lipides (TG, CE), elles deviennent globulaires et l'association lipides-apolipoprotéines est moins stable (d'un point de vue thermodynamique), ce qui permet les échanges protéiques entre les lipoprotéines. Les apolipoprotéines ont aussi un rôle d'activation de certaines enzymes. Des apolipoprotéines peuvent activer la LCAT (fig. 3). Cette estérification du cholestérol

conduit à des modifications structurales des lipoprotéines, permet des échanges de lipides avec les lipoprotéines de basse densité et rend la lipoprotéine disponible comme accepteur de cholestérol cellulaire non estérifié. *In vivo*, le principal activateur de la LCAT semble être l'apolipoprotéine AI mais, *in vitro*, les apo CI, CII, CIII, D et AIV sont aussi des activateurs de la LCAT (ce qui est explicable par des analogies structurales). Une autre enzyme plasmatique activée par l'apo CII est la lipoprotéine lipase ou LPL. Cette enzyme n'est pas liée aux lipoprotéines, mais elle est associée aux membranes plasmiques des cellules endothéliales des capillaires par des chaînes oligosaccharidiques. La LPL hydrolyse les TG des lipoprotéines au niveau des tissus (fig. 5). L'apo CII est l'activateur indispensable de la LPL mais seul son déficit total entraîne une inactivation de l'enzyme. L'apo CIII a un effet inhibiteur de la LPL et le rapport apo CII-apo CIII joue un rôle majeur dans la régulation de la lipolyse plasmatique des TG. L'apo AV serait un activateur de la LPL.

Action de la lipoprotéine lipase (LPL)

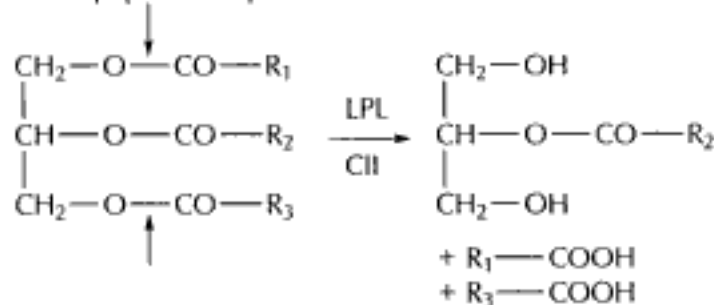


Figure 5. Mécanisme d'action de la lipoprotéine lipase (LPL). R_1-COOH , R_2-COOH et R_3-COOH sont des acides gras qui peuvent être identiques ou différents

Les apolipoprotéines ont un rôle dans la reconnaissance des lipoprotéines par les cellules. La source des lipides de l'organisme est, comme nous l'avons déjà vu, d'origine alimentaire et d'origine endogène (hépatique). Les tissus extra-hépatiques, bien que capables de synthétiser le cholestérol et certains autres lipides, reçoivent ces lipides par l'intermédiaire des lipoprotéines. De plus les lipoprotéines peuvent capter le cholestérol cellulaire en excès, c'est ce qu'on appelle l'efflux, première étape du transport inverse du cholestérol. L'interaction lipoprotéine-cellules et les échanges de lipides se font *in vivo* en partie par la voie de récepteurs spécifiques reconnaissant les apolipoprotéines associées aux lipides des lipoprotéines. Ces récepteurs jouent un rôle majeur dans le métabolisme des lipoprotéines plasmatiques.

Dans l'ensemble de ces processus, il est rare qu'une apolipoprotéine joue un rôle de façon isolée. Pour une apolipoprotéine donnée, la présence des autres apolipoprotéines et des lipides va déterminer à un instant donné sa place dans les lipoprotéines et par là même son rôle métabolique.

3. Enzymes et protéines de transfert des lipides

Certaines enzymes (fig. 3) et des protéines de transfert des lipides (fig. 6) font partie intégrante des lipoprotéines plasmatiques et jouent un rôle capital dans leur métabolisme :

- la LCAT (lécithine-cholestérol-acyltransférase) permet l'estérification du cholestérol plasmatique par transfert d'un acide gras d'un phospholipide. La LCAT est associée aux lipoprotéines de haute densité et y trouve directement ses substrats parmi les lipides de surface. Les esters de cholestérol formés, hydrophobes, gagnent le cœur de la lipoprotéine ;
- la CETP (cholestérol ester-transfert-protéine) ou protéine de transfert du cholestérol estérifié permet, au cours de la lipolyse des triglycérides des lipoprotéines, l'échange entre des esters de cholestérol des HDL et des triglycérides des lipoprotéines de basse densité ;
- la PLTP (phospholipide-transfert-protéine) permet des échanges de phospholipides entre les lipoprotéines ou entre les cellules et les lipoprotéines ;
- les enzymes comme la paraoxonase permettent aux lipoprotéines de haute densité de protéger de l'oxydation les lipoprotéines de basse densité.

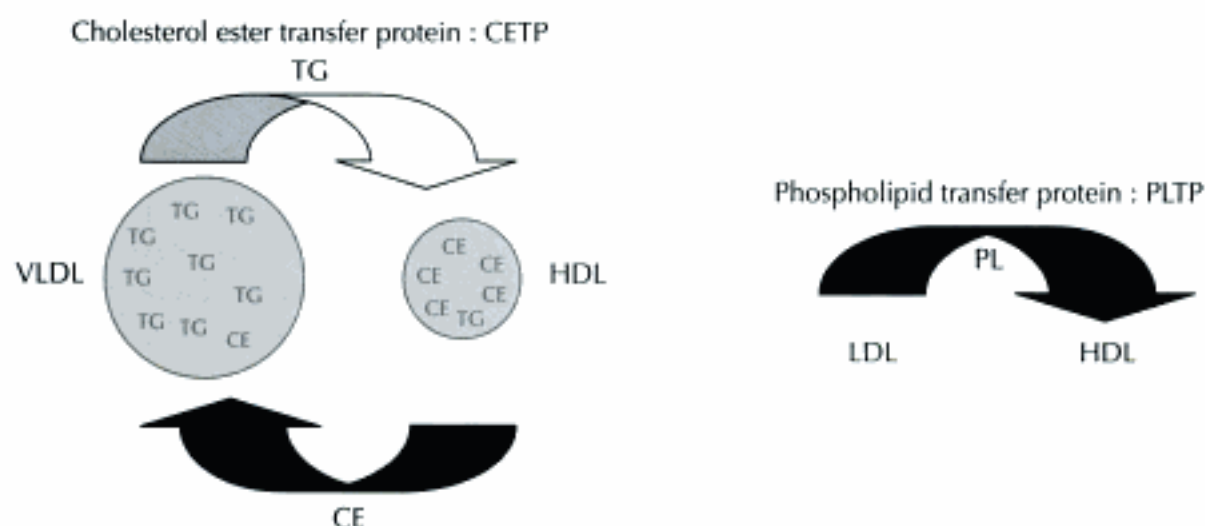


Figure 6. Les protéines de transfert des lipides associées aux lipoprotéines plasmatiques

B. Classification des lipoprotéines

L'hétérogénéité des lipoprotéines et les modifications constantes auxquelles elles sont soumises rendent difficile leur classification. Les différents critères utilisés pour les classer sont leur composition en apolipoprotéines ou leurs propriétés physico-chimiques. La classification la plus utilisée est fondée sur la densité. Le *tableau 2* permet une rapide comparaison entre les différentes classifications. Cependant, des lipoprotéines séparées par une technique ne sont jamais identiques à celles séparées par une autre technique.

1. Classification en fonction de la densité

Suivant leur composition lipidique et protéique, les lipoprotéines ont une densité différente. Plus légères que les protéines sériques à cause de la présence des lipides, on peut les isoler par ultracentrifugation de flottation. La répartition suivant le spectre de densité est discontinue, elle varie suivant l'état physiologique du sujet. On distingue en général (*tab. 2 et 3*) :

a) Chylomicrons

Ce sont de très grosses particules de densité inférieure à 0,94 qui flottent à la densité saline du plasma (1,006). Leur origine est intestinale et on ne les retrouve dans la circulation qu'après un repas riche en graisses. Ils sont très riches en triglycérides (90 % des lipides) et ne contiennent que 2 à 3 % de protéines, essentiellement de l'apo B48 mais aussi des apo AI, AIV, AV, CI, CII et CIII.

b) Lipoprotéines de très basse densité

On les appelle VLDL (*very low density lipoproteins*). De densité comprise entre 0,94 et 1,006, elles sont abondantes dans la circulation quelques heures après un repas. Leur production est essentiellement hépatique. Les VLDL permettent la sécrétion des lipides d'origine endogène synthétisés par le foie. Les VLDL sont de taille inférieure aux chylomicrons. Les triglycérides ne représentent plus que 50 % des lipides des VLDL. Les protéines représentent 10 % de leur masse totale et sont constituées par une molécule d'apo B100 d'origine hépatique, des apo AV, E, CI, CII et CIII.

c) Lipoprotéines de basse densité

Les LDL (*low density lipoproteins*) ont une densité comprise entre 1,006 et 1,063. Très riches en cholestérol (60 à 70 % des lipides) elles sont aussi plus riches en protéines (25 % de leur masse). Plus elles sont riches en cholestérol, plus leur densité est élevée. Comme les VLDL qui sont leur précurseur, chaque LDL contient une molécule d'apo B100 et éventuellement des apo CI, CII, CIII et E en faible quantité. Les IDL (ou les LDL1) sont une sous-fraction des LDL de densité comprise entre 1,006 et 1,019. Habituellement absentes chez un sujet normolipémique à jeun, elles sont riches en cholestérol, en triglycérides et en apo E. Elles constituent des intermédiaires métaboliques dans le processus de lipolyse plasmatique des VLDL.

d) Lipoprotéines de haute densité

Les HDL (*high density lipoproteins*) ont une densité comprise entre 1,063 et 1,21. Riches en cholestérol (40 % des lipides) et en phospholipides (50 % des lipides), elles sont composées pour moitié de protéines (50 % de leur masse totale) qui sont essentiellement les apo AI et AII mais aussi, en moindre quantité, les apolipoprotéines AIV, AV, CI, CII, CIII, E, D...

Deux sous-fractions principales de HDL existent dans le plasma : les HDL₂, de densité comprise entre 1,063 et 1,125, et les HDL₃, de densité comprise entre 1,125 et 1,21. Les HDL sont les lipoprotéines les plus hétérogènes du plasma et sont en perpétuel remodelage. Il existe également de nombreuses sous-fractions présentes en très faible quantité mais très importantes pour le métabolisme des lipoprotéines.

La LCAT et des protéines de transfert des lipides sont présentes sur les HDL qui sont le seul lieu d'estérification du cholestérol plasmatique. Une partie du cholestérol estérifié est ensuite transférée aux autres lipoprotéines par la CETP.

e) Lp(a)

Présente seulement chez certains individus, sa densité est comprise entre celle des LDL et celle des HDL. Elle contient essentiellement deux apolipoprotéines, l'apo (a) et l'apo B (fig. 4).

2. Classification en fonction de la taille et de la masse moléculaire des lipoprotéines

En première approximation, il existe une relation inverse entre la taille et la densité des lipoprotéines (tab. 2). Les plus grosses lipoprotéines, les chylomicrons, ont un diamètre qui peut atteindre 1 μm , soit le dixième d'un lymphocyte circulant. À l'inverse, les HDL ont une taille comprise entre 6 et 10 nm. Cependant, la relation taille-densité n'est pas toujours observée. Ainsi la Lp(a), dont la densité est supérieure aux LDL, a une taille comprise entre celle des VLDL et des LDL.

3. Classification en fonction de la mobilité électrophorétique

En milieu alcalin, les lipoprotéines plasmatiques sont chargées négativement et peuvent être séparées par électrophorèse sur acétate de cellulose ou gel d'agarose. Par analogie avec les protéines sériques, les lipoprotéines ainsi séparées peuvent être classées en α -lipoprotéines correspondant aux HDL, en β -lipoprotéines correspondant aux LDL et en pré- β -lipoprotéines correspondant aux VLDL. Certaines HDL naissantes, très denses, ont une mobilité de pré- β -lipoprotéines. Les chylomicrons ne sont pas chargés et ne migrent donc pas en électrophorèse (tab. 2).

Tableau 2. Principales propriétés des lipoprotéines séparées en fonction de leur densité

	Densité	Mobilité électrophorétique	Diamètre (nm)	Masse moléculaire moyenne (kDa)	Principales apolipoprotéines
Chylomicrons	< 0,94	origine	100-1 000	1 000 000	B48
VLDL	0,94-1,006	pré- β	30-80	7 500	B100, C
IDL	1,006-1,019	pré- β lente	25-35	4 000	B100, E
LDL	1,019-1,063	β	15-25	2 000	B100
HDL ₂	1,063-1,125	α	9-14	400	AI, AII
HDL ₃	1,125-1,210	α	6-10	200	AI, AII

La mobilité électrophorétique est mesurée sur acétate de cellulose à pH 8,2.

VLDL, very low density lipoproteins ; IDL, intermediary density lipoproteins ; LDL, low density lipoproteins ; HDL, high density lipoproteins.

4. Classification en fonction de la composition en apolipoprotéines

Les lipoprotéines simples ne contiennent qu'une seule apolipoprotéine, par exemple, la LpAI, la LpB, la LpE. Les lipoprotéines complexes contiennent deux ou plusieurs apolipoprotéines et sont désignées par l'ensemble des apolipoprotéines qui les composent, par exemple, LpB:E, LpAI:AII, LpB:CIII:CI:E...

5. Autres classifications

Différents réactifs peuvent aussi être utilisés pour former des complexes insolubles avec certaines lipoprotéines et faciliter leur séparation. Les plus utilisés sont l'héparine, le sulfate de dextran ou l'acide phosphotungstique en présence de sels de magnésium, manganèse ou calcium. Ces méthodes très simples sont très utili-

sées pour précipiter les lipoprotéines de basse densité et permettre le dosage des lipides dans les fractions à des fins diagnostiques.

C. Composition des lipoprotéines

Le *tableau 3* résume la composition lipidique et protéique des lipoprotéines. Ce sont des valeurs moyennes pour un individu normolipémique à jeun (excepté pour les chylomicrons qui ne sont présents qu'en période postprandiale). Ces valeurs varient d'un individu à l'autre et en fonction de l'alimentation du sujet.

Tableau 3. Composition schématique des lipoprotéines plasmatiques humaines

	Chylomicrons	VLDL	LDL	HDL
Densité	< 0,94	0,94-1,006	1,006-1,063	1,063-1,210
% protéines	2 %	10 %	25 %	50 %
% lipides	98 %	90 %	75 %	50 %
Lipides majeurs	TG	TG	C, PL	PL, C
Apolipoprotéines majeures	B48, C, AI, AIV, AV, E	B100, C, AV, E	B100	AI, AII, AV
Enzymes				LCAT, CETP

Il s'agit d'une composition indicative, en pourcentage de la masse de chaque composant.

À titre indicatif, la composition en mole/mole de lipoprotéine d'une VLDL est la suivante : cholestérol, 2 180 moles ; phospholipides, 3 210 moles ; triglycérides, 7 000 moles ; esters de cholestérol, 1 980 moles ; apo B100, 1 mole ; apo CI, 5 moles ; apo CII, 13 moles ; apo CIII, 37 moles ; apo E 6 moles.

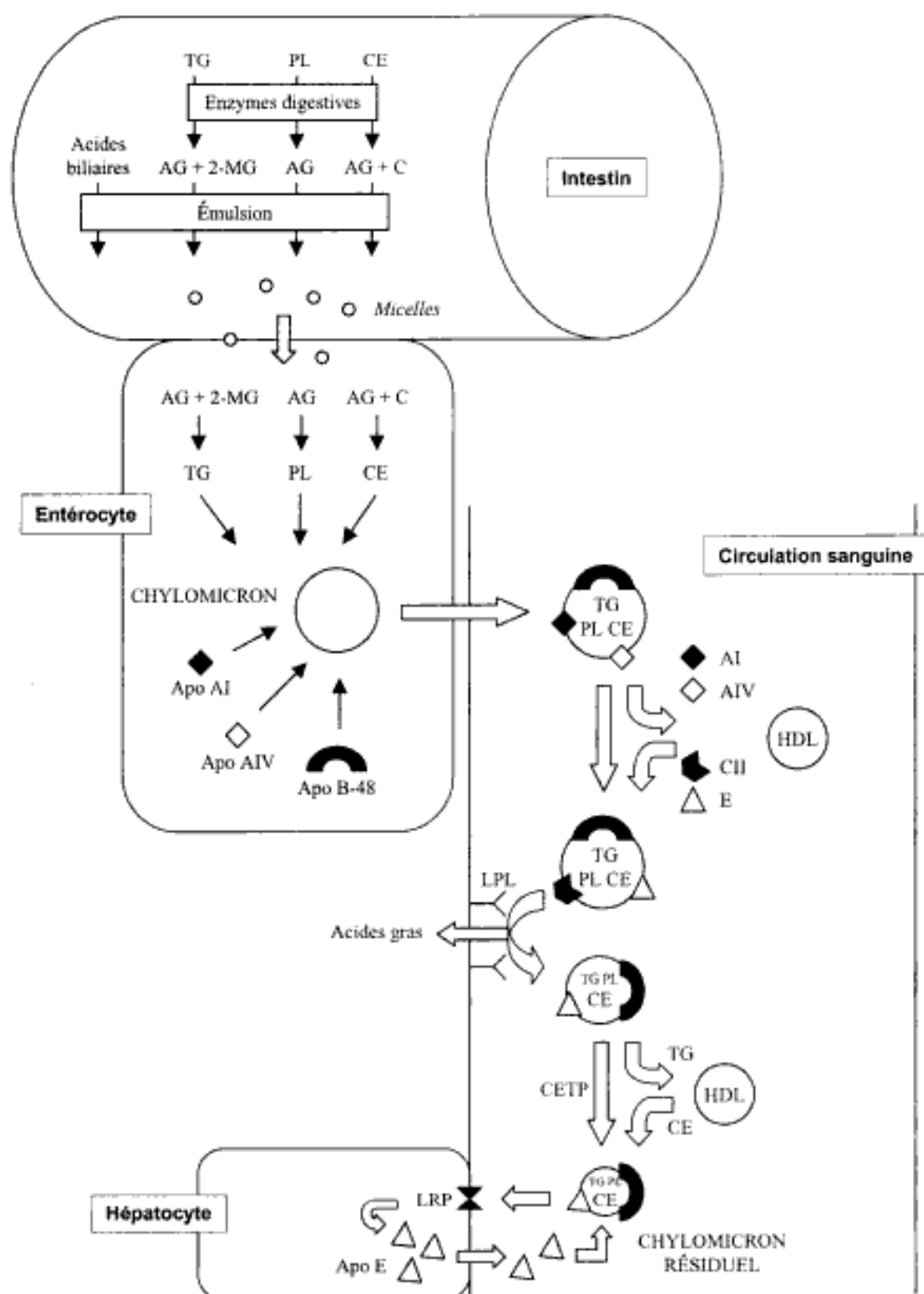
TG, triglycérides ; C : cholestérol ; PL, phospholipides ; VLDL, *very low density lipoproteins* ; LDL, *low density lipoproteins* ; HDL, *high density lipoproteins*.

II. Métabolisme des lipoprotéines

A. Chylomicrons

1. Formation dans l'entérocyte

Les lipides d'origine alimentaire sont émulsifiés dans l'estomac puis dans l'intestin par les sels biliaires (*fig. 7*). Cette émulsion augmente leur réactivité vis-à-vis de la lipase pancréatique qui hydrolyse les liaisons ester en position 1 et 3 des triglycérides. Les phospholipides sont hydrolysés par des phospholipases A1 et A2 et les esters de cholestérol par une cholestérol estérase. Les 2-monoglycérides et les acides gras peuvent alors être captés par les entérocytes et être utilisés pour la synthèse des triglycérides qui forment l'essentiel du chylomicron sécrété. De même les entérocytes procèdent à une resynthèse de phospholipides et d'esters de cholestérol (à partir du cholestérol luminal d'origine alimentaire ou biliaire et dont les transporteurs entérocytaires ont très récemment été identifiés). Grâce à la MTP, l'apo B48 va s'associer aux phospholipides pour permettre la stabilisation de la lipoprotéine qui contiendra aussi le cholestérol et les autres apolipoprotéines syn-



C, cholestérol ; CE, cholestérol estérifié ; TG, triglycérides ; PL, phospholipides ; apo, apolipoprotéine ; AG, acide gras ; MG, monoglycéride.

Figure 7. Métabolisme des chylomicrons

thétisées dans l'intestin. La synthèse intestinale des chylomicrons débute très rapidement après un repas. Ces derniers sont alors sécrétés dans la lymphe et ils apparaissent dans la circulation quelques minutes après. Leur demi-vie plasmatique est très brève (20 à 30 minutes).

2. Métabolisme vasculaire

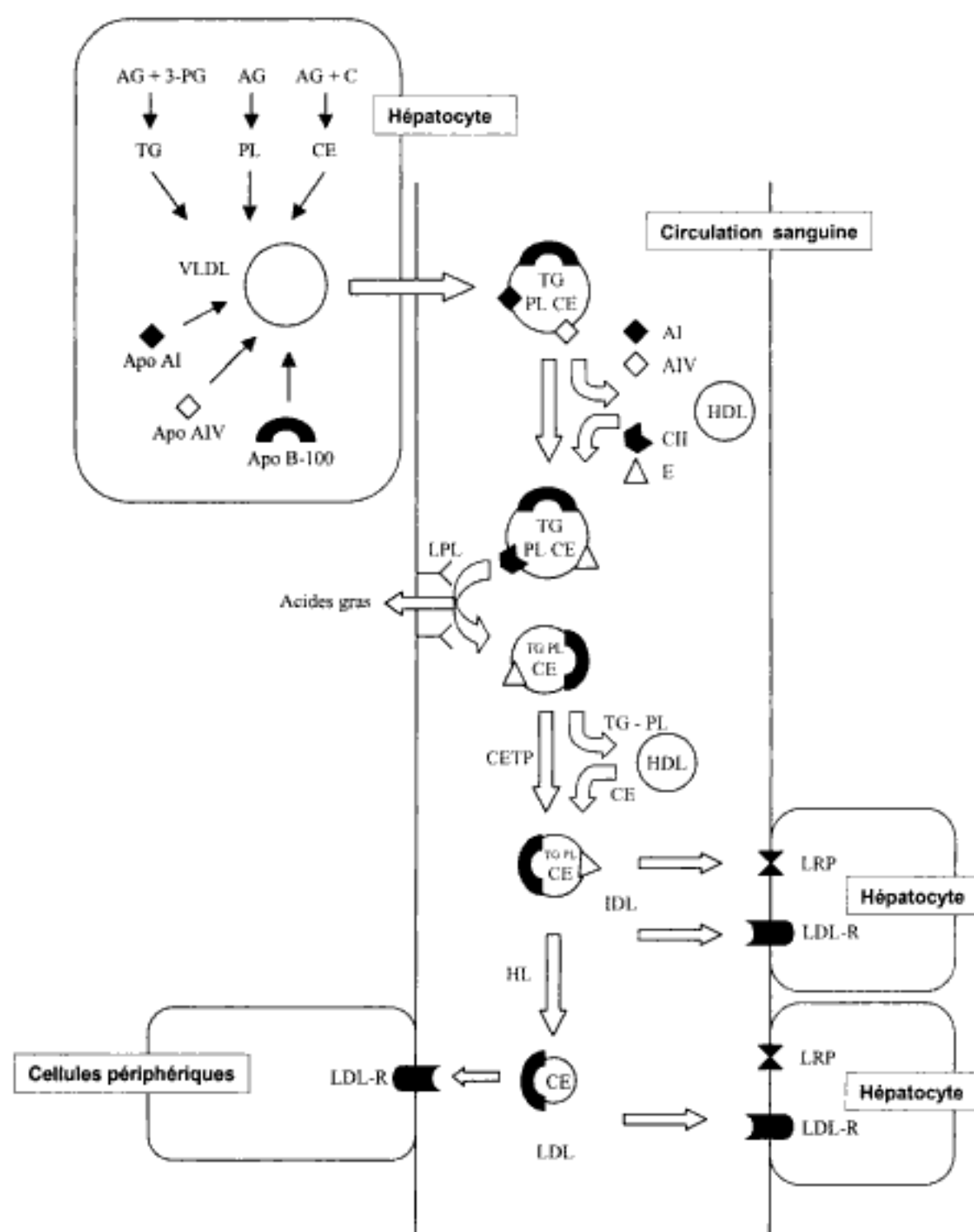
Après sécrétion dans le liquide interstitiel, les chylomicrons gagnent la circulation plasmatique et des apolipoprotéines C et E leur sont transférées en provenance des HDL tandis qu'ils cèdent leurs apo AI et AIV. L'apo CII permet aux chylomicrons d'être reconnus par la lipoprotéine lipase (LPL). Cette enzyme synthétisée par les adipocytes et les myocytes est fixée par des chaînes oligosaccharidiques à la membrane externe des cellules endothéliales des vaisseaux capillaires du tissu adipeux et du tissu musculaire. La LPL est libérée dans la circulation générale après une injection d'héparine, propriété qui rendra possible son dosage. Son expression est contrôlée par l'insuline, elle est donc abondante en période postprandiale. La LPL activée par l'apo CII hydrolyse les triglycérides. Les acides gras et le glycérol libérés sont captés par les tissus et utilisés à des fins énergétiques.

3. Captation par les récepteurs hépatiques

Lors de la lipolyse intravasculaire, l'hydrolyse des triglycérides s'accompagne d'une forte réduction de la taille du chylomicron. Des phospholipides de surface et une partie des apo C et AI des chylomicrons sont transférés aux HDL. Les HDL vont en outre échanger des esters de cholestérol avec des triglycérides des chylomicrons. Les chylomicrons résiduels enrichis en esters de cholestérol sont constitués d'apo B48, d'apo E et de lipides. Ils seront captés par les hépatocytes par l'intermédiaire de récepteurs reconnaissant l'apo E. Le récepteur hépatique des « chylomicrons résiduels » sert au catabolisme des chylomicrons d'origine intestinale partiellement métabolisés par la lipoprotéine lipase. Ce récepteur présente des analogies structurales avec le LDL récepteur et a été dénommé « LRP » (*LDL-receptor related protein*). Ce récepteur n'est pas spécifique des « chylomicrons résiduels », il reconnaît aussi l'alpha-2-macroglobuline plasmatique et d'autres ligands. Il fonctionne par endocytose. Son activité sur les lipoprotéines est augmentée par la sécrétion hépatique d'apo E et recapture de cette apo E par les chylomicrons. L'expression du LRP n'est pas régulée par le cholestérol cellulaire. Après internalisation, les « chylomicrons résiduels » seront dégradés par les cellules.

B. VLDL

Les VLDL sont synthétisées par l'hépatocyte et sécrétées dans la circulation sanguine (fig. 8). Les triglycérides des VLDL sont synthétisés à partir des acides gras et du 3-phosphoglycerol. La synthèse des acides gras à partir de l'acétyl CoA est favorisée par l'insuline en période postprandiale. Au contraire, en absence d'insuline, l'activation de la triglycéride lipase du tissu adipeux provoque un afflux d'acides gras vers le foie. L'apo B100, protéine de structure des VLDL hépatiques, est synthétisée dans l'hépatocyte. La régulation de la synthèse du cholestérol et des triglycérides hépatiques est capitale pour la sécrétion des VLDL. En effet, si la synthèse de lipides est insuffisante, l'apo B sera dégradée et les VLDL ne seront pas sécrétées. De même, la MTP est indispensable à l'assemblage et à la sécrétion des VLDL par le foie. Dans le réticulum endoplasmique de la cellule, la MTP se lie aux molécules d'apo B au cours de leur synthèse et les charge de lipides pour former les lipopro-



C, cholestérol ; CE, cholestérol estérifié ; TG, triglycérides ; PL, phospholipides ; apo, apolipoprotéine ; AG, acide gras ; MG, monoglycéride ; 3-PG : 3-phosphoglycérol.

Figure 8. Métabolisme des VLDL

téines matures qui seront sécrétées. Le déficit en MTP conduit à une a-bétalipoprotéïnémie. La MTP est une cible potentielle pour le traitement des dyslipidémies. Les VLDL sont sécrétées quelques heures après un repas, lorsque l'insulinémie a diminué. Dans le compartiment vasculaire, le métabolisme des VLDL est similaire à celui des chylomicrons bien que plus lent. La demi-vie des VLDL est d'environ 4 heures. Elles reçoivent des apo C et E par transfert à partir des HDL. Comme pour les chylomicrons, le catabolisme des TG des VLDL est assuré par la LPL acti-

vée par l'apo CII. Les acides gras sont délivrés aux tissus et les apo C et les phospholipides transférés aux HDL. Pendant la lipolyse vasculaire, les VLDL reçoivent des esters de cholestérol en provenance des HDL auxquelles elles fournissent des triglycérides. Ces transferts sont catalysés par la CETP (fig. 5).

Les lipoprotéines de densité intermédiaire qui en résultent et que l'on appelle IDL (*intermediary density lipoproteins*) sont riches en esters de cholestérol et en apo E. Elles ont une très forte affinité pour les récepteurs hépatiques de l'apo E et donc la majorité des IDL sont internalisées très rapidement par les récepteurs hépatiques, LRP et LDL récepteur, puis dégradées. Le mécanisme moléculaire d'action du LDL récepteur sera détaillé avec le métabolisme des LDL.

D'autres récepteurs des VLDL ont été décrits au niveau des tissus périphériques. Ils reconnaissent aussi l'apo E et pourraient jouer un rôle dans le métabolisme des VLDL.

C. LDL

1. Métabolisme par le LDL récepteur

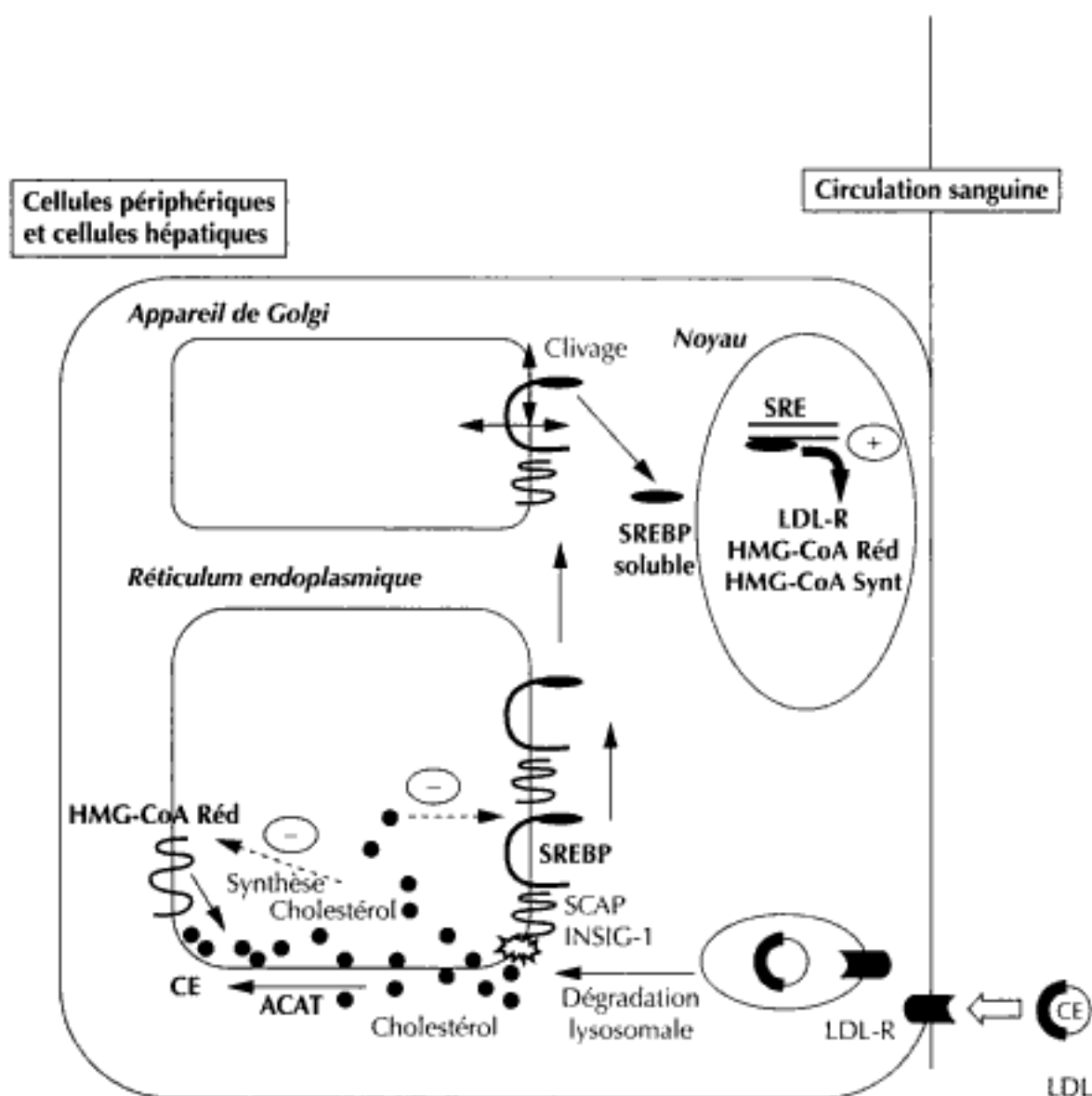
Après lipolyse des VLDL en IDL, une partie des IDL est transformée dans la circulation en LDL par action de la lipase hépatique (HL). Les LDL sont des lipoprotéines plus petites, riches en esters de cholestérol et pauvres en apo E. L'apo B100 reste liée à la particule lipidique depuis sa sécrétion hépatique sous forme de VLDL, jusqu'à sa dégradation finale. Les LDL ont une demi-vie de plusieurs jours, leur apo B100 peut être reconnue par tous les LDL récepteurs présents sur les tissus. La durée de vie plus longue des LDL est due à leur faible contenu en apo E et à la moindre affinité des récepteurs LDL pour l'apo B que pour l'apo E. Les LDL sont internalisées par un mécanisme d'endocytose dans les cellules (fig. 9) et dégradées dans les lysosomes où les esters de cholestérol sont hydrolysés. Dans la cellule, le cholestérol contribue à l'architecture des membranes. En outre, dans les cellules spécialisées, le cholestérol est le précurseur de la synthèse des hormones stéroïdes ou des sels biliaires. L'augmentation de la concentration en cholestérol non estérifié dans les membranes cellulaires :

- stimule l'ACAT et l'estérification du cholestérol permettant son stockage ;
- inhibe sa propre synthèse en inhibant l'activité de l'enzyme clé l'HMG-CoA réductase.

Il existe aussi un autre niveau de régulation par le cholestérol que l'on appelle « la voie SREBP » (fig. 9), qui permet la régulation du taux d'expression des gènes codant l'HMGCoA synthase, l'HMG-CoA réductase et les récepteurs LDL :

- quand la concentration intracellulaire en cholestérol est importante, SREBP (*sterol response element binding protein*) est séquestrée dans la membrane du réticulum endoplasmique par interaction avec SCAP (*SREBP-cleavage activating protein*), qui interagit elle-même avec INSIG-1 (*insulin-induced gene-1*) ;
- quand la concentration en cholestérol devient insuffisante, la voie de maturation de SREBP est activée. SCAP perd son affinité pour INSIG-1 et assure le transfert de SREBP vers l'appareil de Golgi. Deux hydrolyses successives libéreront SREBP mature soluble, qui migrera dans le noyau où elle joue le rôle de facteur de trans-

cription en se fixant sur des éléments de réponse aux stérols ou SRE (*sterol responsive element*) et induisant alors l'expression de plusieurs gènes codant des protéines impliquées dans la synthèse endogène du cholestérol (gènes codant l'HMG-CoA synthase et l'HMG-CoA réductase) et dans l'entrée du cholestérol dans la cellule (gène codant le récepteur LDL).



SREBP, *sterol response element binding protein* ; SRE, *sterol response element* (séquence nucléotidique de l'ADN située sur le promoteur de certains gènes et capable de reconnaître spécifiquement la SREBP) ; SCAP, *SREBP-cleavage activating protein* (protéine permettant le trafic de SREBP du réticulum endoplasmique vers l'appareil de Golgi quand les concentrations intracellulaires en cholestérol sont faibles) ; INSIG-1, *insulin-induced gene-1* (protéine de rétention de SCAP dans le RE quand les concentrations intracellulaires de cholestérol sont importantes) ; CE : cholestérol estérifié ; LDL-R, LDL récepteur ; ACAT, acylCoA-cholestérol-acyltransférase (enzyme d'estérification du cholestérol).

Figure 9. Métabolisme des LDL et régulation cellulaire de l'homéostasie du cholestérol par la voie SREBP

La biosynthèse des récepteurs LDL est aussi contrôlée par certaines hormones (stimulation par la thyroxine et les œstrogènes).

Ces récepteurs servent à la fois à l'apport de cholestérol aux tissus extra-hépatiques et au catabolisme des lipoprotéines par le foie. La régulation des récepteurs LDL par le cholestérol intracellulaire est un facteur déterminant de la cholestérolémie. L'absence ou le déficit génétique en récepteurs LDL conduit à une accumulation des LDL caractéristique de l'hypercholestérolémie familiale.

2. Oxydation des LDL et catabolisme par les « scavenger récepteurs »

Sous l'influence de différents facteurs, les LDL sont susceptibles d'être oxydées. L'oxydation a lieu à la fois sur l'apo B et sur les lipides. Ce phénomène d'oxydation se produit dans la circulation sanguine, ou lorsque les LDL circulantes traversent l'endothélium vasculaire lésé et se trouvent au contact des cellules de l'espace sous-endothélial (cellules endothéliales, cellules musculaires lisses, monocytes-macrophages). Contrairement aux LDL natives, elles ne sont plus reconnues par le récepteur LDL mais par des récepteurs dits « éboueurs » ou « scavenger » présents à la surface des macrophages et des cellules musculaires lisses. Ces récepteurs ne sont pas régulés par le contenu intracellulaire en cholestérol et par conséquent les cellules se chargent en cholestérol indépendamment de leurs besoins. L'accumulation de cholestérol dans les macrophages conduit à la formation des cellules spumeuses, caractéristiques de la plaque d'athérome.

D. HDL et transport inverse du cholestérol

1. Formation des HDL et remodelage vasculaire

Les HDL jouent un rôle central dans le métabolisme plasmatique des lipoprotéines. Elles peuvent être considérées comme la plaque tournante des échanges de lipides entre lipoprotéines, et entre lipoprotéines et cellules (fig. 10). Leur hétérogénéité est très grande.

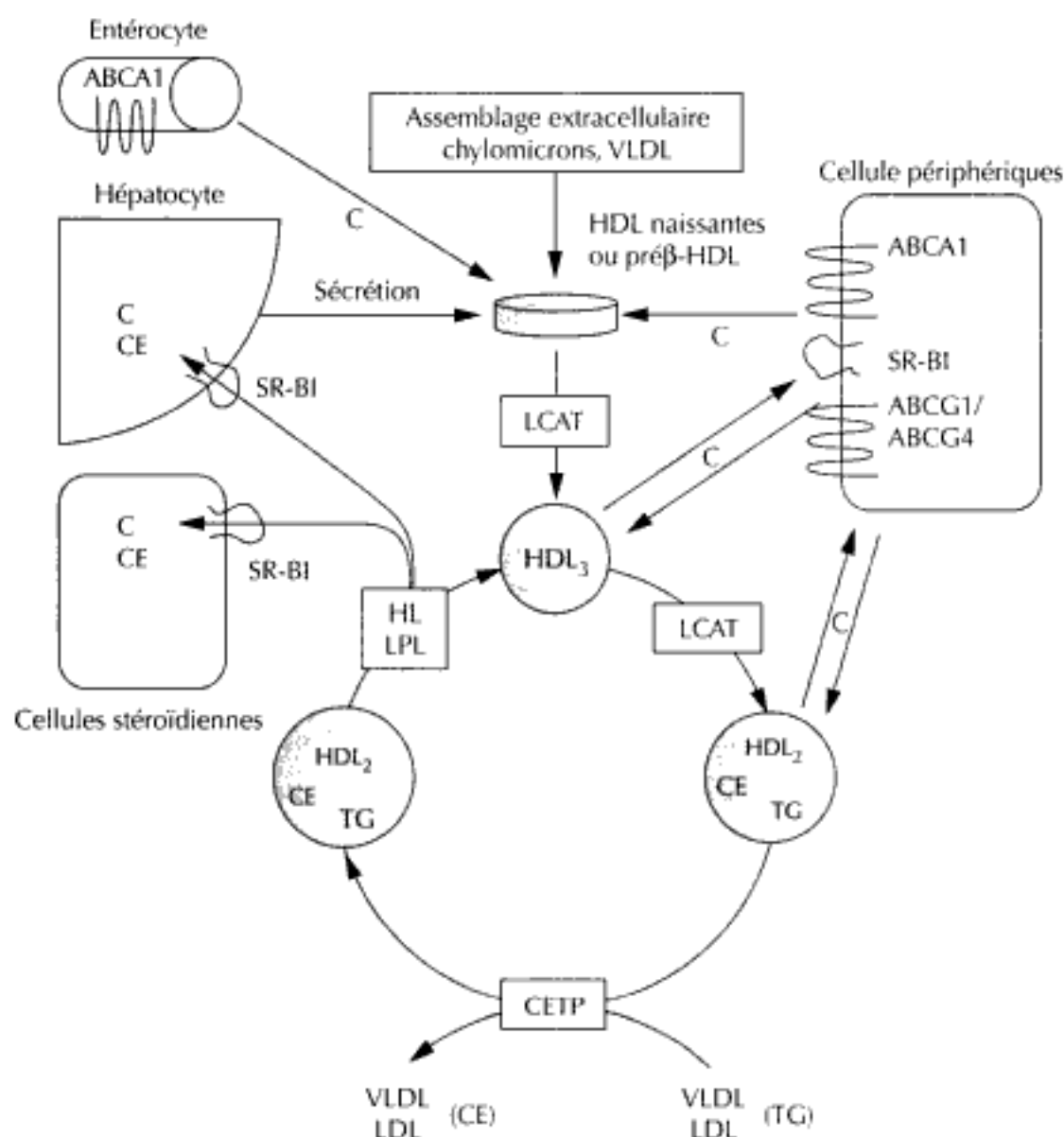
Les HDL naissantes sont synthétisées essentiellement dans le foie. Des travaux récents suggèrent aussi une part non négligeable de la production des HDL par l'intestin par un mécanisme d'efflux de cholestérol vers de l'apo A1 libre circulante. Les HDL néosynthétisées sont discoïdales et constituées de phospholipides, de cholestérol, d'apo E, A1 et C et de LCAT. Elles sont d'excellents accepteurs du cholestérol cellulaire. Les HDL peuvent aussi provenir du remodelage intravasculaire des autres lipoprotéines. En effet, dans le plasma, des apo C, A1 et E et des lipides de la couche superficielle des chylomicrons et des VLDL (après action de la LPL) contribuent à former les HDL.

Dans la circulation, le cholestérol des HDL est estérifié par la LCAT activée par l'apo A1. Les esters ainsi formés migrent alors à l'intérieur de la lipoprotéine et conduisent à la formation des HDL₃ globulaires. Ces lipoprotéines sont de bons accepteurs pour le cholestérol cellulaire qui sera lui aussi rapidement estérifié par la LCAT dans les HDL. L'action de la CETP permet aux HDL de s'enrichir en triglycérides aux dépens du cholestérol estérifié. Tous ces échanges lipidiques vont contribuer à des modifications de structure des HDL, qui deviendront plus grosses et plus légères et qui seront appelées HDL₂.

Dans les capillaires hépatiques, les phospholipides et les triglycérides des HDL₂ sont hydrolysés par la lipase hépatique (HL). Des apo C et E et des phospholipides

s'éliminent de la couche périphérique. Les HDL₂ sont alors retransformées en HDL₃, ou captées par le foie, le rein ou les glandes surrénales. La PLTP joue un rôle important dans ce remodelage.

Le catabolisme des HDL est très complexe à cause des perpétuels remaniements, des transferts et des échanges avec les cellules et avec d'autres lipoprotéines. Il est donc difficile de préciser la durée de vie moyenne d'une HDL. Cependant, la demi-vie plasmatique des apo A1 et AII est de quatre à six jours. Une grande partie de l'élimination de l'apo A1 se fait par voie rénale.



C, cholestérol; CE, cholestérol estérifié; TG, triglycérides; PL, phospholipides; apo, apolipoprotéine; SR-BI, scavenger récepteur de classe B type I (récepteur des HDL); ABCA1, ATP-binding cassette 1 (transporteur ionique ayant un domaine de fixation de l'ATP et impliqué dans l'efflux de cholestérol cellulaire dépendant de l'apo A1); ABCG1, hémitransporteur de la famille des transporteurs ABC (en homodimère ou hétérodimère avec ABCG4, il est impliqué dans l'efflux de cholestérol cellulaire vers les HDL).

Figure 10. Métabolisme des HDL et transport inverse du cholestérol

2. Catabolisme hépatique des esters de cholestérol des HDL

Le seul site de catabolisme du cholestérol est le foie, où le cholestérol est transformé en acides et en sels biliaires. Nous avons vu qu'une partie du cholestérol alimentaire retournait au foie par l'intermédiaire des chylomicrons résiduels et du récepteur LRP. Dans la circulation grâce à la CETP, les chylomicrons s'étaient enrichis en esters de cholestérol provenant des HDL. Le même mécanisme a lieu avec les IDL. Les HDL peuvent donc diriger vers le foie des esters de cholestérol par la voie des récepteurs des lipoprotéines de basse densité. Il a récemment été montré qu'un récepteur hépatique appelé SR-BI (*scavenger* récepteur de classe B type I) pouvait transférer à l'hépatocyte des esters de cholestérol des HDL sans internalisation de la lipoprotéine. Ce mécanisme de captation sélective des esters de cholestérol, différent du mécanisme d'endocytose, nécessite de l'énergie car il suppose le transfert d'une molécule apolaire à travers la couche aqueuse présente entre la lipoprotéine et les cellules. Ce récepteur SR-BI reconnaît spécifiquement l'apo AI et libère dans la circulation des HDL moins riches en esters de cholestérol. Le cholestérol estérifié par la LCAT dans les HDL peut donc retourner au foie soit par les récepteurs de lipoprotéines de basse densité grâce à la CETP, soit directement par SR-BI.

3. Efflux du cholestérol cellulaire par les HDL

Les HDL, nous l'avons vu, sont les seules lipoprotéines capables de capter le cholestérol cellulaire et donc d'assurer le retour vers le foie du cholestérol de l'organisme. Ce mécanisme est capital au niveau du tissu artériel. En effet, l'accumulation de cholestérol estérifié dans certaines cellules comme les macrophages constitue un risque majeur de développement de la plaque d'athérome.

Au plan cellulaire, ce mécanisme peut être passif lorsque le gradient de cholestérol entre les membranes cellulaires et la surface des HDL est suffisant, cela implique une forte activité de la LCAT pour estérifier le cholestérol au fur et à mesure de son transfert.

Cependant, le passage du cholestérol vers les cellules peut être facilité par l'interaction directe des HDL avec des récepteurs membranaires. Le récepteur SR-BI pourrait jouer ce rôle, mais aussi l'hémitransporteur ABCG1 (de la famille des transporteurs à *ATP-binding cassette* [ABC]) en s'homodimérisant ou en s'hétérodimérisant avec ABCG4.

Une voie directe d'efflux de cholestérol vers l'apo AI non associée à des lipides a aussi été mise en évidence. Elle implique ABCA1 (autre transporteur de la famille des ABC) dont le déficit chez certains patients conduit à l'absence d'efflux de cholestérol cellulaire au niveau des tissus périphériques et à un effondrement des HDL plasmatiques (maladie de Tangier).

III. Cibles thérapeutiques

Différentes voies du métabolisme des lipides et des lipoprotéines peuvent être des cibles thérapeutiques pour le traitement des dyslipidémies : voie d'entrée du cholestérol dans l'organisme, voie de synthèse des lipides endogènes, voies cataboliques vasculaires et cellulaires.

Les fibrates diminuent la concentration en triglycérides circulants par inhibition de leur synthèse hépatique et par activation de leur catabolisme via la LPL dans le

compartiment vasculaire. Leur mécanisme d'action passe par la régulation transcriptionnelle de l'expression de gènes *via* le récepteur nucléaire *peroxisome proliferator-activated receptor* (PPAR) α .

Les statines inhibent la synthèse du cholestérol endogène en agissant sur l'HMG-CoA réductase, enzyme clé dans la voie de biosynthèse du cholestérol. La diminution de la teneur en cholestérol dans la cellule hépatique conduit alors à l'augmentation de l'expression des récepteurs aux LDL, à la captation des lipoprotéines circulantes et à la diminution de la concentration en cholestérol circulant. En plus de leurs effets hypolipidémiants, les fibrates et les statines exercent des effets dits pléiotropiques sur les composantes inflammatoires et vasculaires de l'athérogenèse, et diminuent ainsi le risque cardio-vasculaire chez l'homme.

Les résines agissent dans le tractus intestinal où elles captent le cholestérol d'origine alimentaire et biliaire, favorisant son élimination dans les fèces. L'inhibition du recyclage du cholestérol par le cycle entéro-hépatique favorise la conversion du cholestérol en acides biliaires dans le foie.

L'ézétimibe, molécule de découverte récente, est un inhibiteur de l'absorption intestinale du cholestérol. Il agirait sur les transporteurs membranaires de cholestérol présents à la surface de l'entérocyte.

L'action combinée de plusieurs molécules peut conduire à des effets additionnels voire synergiques sur les concentrations en lipides circulants. Un traitement par l'ézétimibe potentialise la diminution de la cholestérolémie induite par les statines.

Conclusion

Le métabolisme des lipoprotéines plasmatiques est un phénomène complexe dépendant entre autres de l'apport de lipides alimentaires, de la synthèse hépatique et de l'utilisation des graisses du tissu adipeux. Certains systèmes sont redondants et l'organisme met tout en œuvre pour éviter la survenue de carences en lipides. Les dysfonctionnements du métabolisme des lipoprotéines conduiront essentiellement à des pathologies de surcharge. Les régulations hormonales agissent au niveau des synthèses endogènes de lipides, de la synthèse du récepteur LDL et au niveau du tissu adipeux. Il faut toujours avoir à l'esprit qu'il s'agit de systèmes dynamiques et que l'étude des lipides et des lipoprotéines plasmatiques à jeun ne pourra donner qu'une vision à un instant donné de ce métabolisme.

L'essentiel de la question

Les lipoprotéines plasmatiques sont des complexes macromoléculaires assurant le transport des lipides en permettant leur solubilisation par des protéines spécifiques appelées apolipoprotéines. Les lipides (cholestérol, triglycérides et phospholipides) peuvent être d'origine alimentaire ou d'origine endogène (synthèse hépatique). Les lipoprotéines assurent l'apport des lipides aux cellules périphériques. Cependant, comme le cholestérol ne peut être catabolisé que par l'hépatocyte, elles doivent donc aussi assurer leur retour au foie.

Les apolipoprotéines jouent un rôle fondamental dans la structure des lipoprotéines. Elles sont aussi cofacteurs d'enzymes et de protéines de transfert transportées ou non par les lipoprotéines. Elles permettent l'interaction spécifique des lipoprotéines avec les cellules grâce à leur reconnaissance par des récepteurs cellulaires spécifiques, reconnaissance qui gouverne alors en partie leur métabolisme.

L'hétérogénéité des lipoprotéines et leur remaniement constant au cours de leur métabolisme rendent difficile leur classification. C'est la classification en fonction de leur densité qui est la plus utilisée. On distingue alors les chylomicrons, les VLDL, les LDL, les HDL et la Lp(a).

Les chylomicrons sont constitués de lipides alimentaires et sont sécrétés par l'entérocyte. Après une lipolyse partielle, les « chylomicrons résiduels » sont captés par le foie.

Le foie contribue à la formation des VLDL à partir des lipides alimentaires et endogènes. Les VLDL sécrétées dans la circulation sanguine vont subir une lipolyse et un échange de leurs triglycérides contre des esters de cholestérol venant des HDL. La cascade lipolytique va conduire aux IDL puis aux LDL.

Les LDL sont reconnues par toutes les cellules ayant besoin de cholestérol et exprimant le LDL récepteur. Si les LDL stagnent dans le lit vasculaire, elles peuvent alors subir des modifications telles que l'oxydation. Elles seront alors reconnues par d'autres récepteurs présents en particulier sur les macrophages ou les cellules musculaires lisses, ce qui conduit à la formation de cellules spumeuses.

Les HDL ont un rôle majeur dans les échanges de lipides et de protéines entre les lipoprotéines ainsi que dans l'efflux du cholestérol cellulaire. Elles assurent le retour du cholestérol de l'organisme vers le foie par un mécanisme appelé « transport inverse du cholestérol ».

Les lipoprotéines résultent donc d'un équilibre dynamique dépendant de l'apport alimentaire et des besoins de l'organisme. Elles subissent des remaniements permanents résultant d'échanges et de transferts de lipides et de protéines par interaction entre elles et avec les cellules.

Pour en savoir plus

- Perret B., Milne R., Collet X. Transport des lipides : fonction des apolipoprotéines. Athérosclérose et apolipoprotéines. *Ann. Inst. Pasteur, Actual.* G.N. Cohen, 2000.
- Basdevant A., Laville M., Lerebours E. *Traité de nutrition clinique de l'adulte*. Paris, Flammarion Médecine-Sciences, 2001.
- Brousseau T., Duriez P., Fruchart J.-C. *Polymorphisme des gènes du métabolisme des lipoprotéines et pharmacogénétique des hypolipémiants*. *Biochimie pathologique*. Paris, Flammarion Médecine-Sciences, 2003.
- Toussaint J.-F., Jacob M.-P., Lagrost L., Chapman J. *L'athérosclérose : physiologie, diagnostics, thérapeutiques*. Paris, Masson, 2003.
- Beucler I., Turpin G. Métabolisme des lipoprotéines athérogènes. *Annales de médecine interne*. Paris 2001, 152 : 158-61.
- Marcil V., Peretti N., Delvin E., Levy E. Processus de digestion et d'absorption des lipides. *Gastroentérologie clinique et biologique*, 2004, 28 : 1257-66.

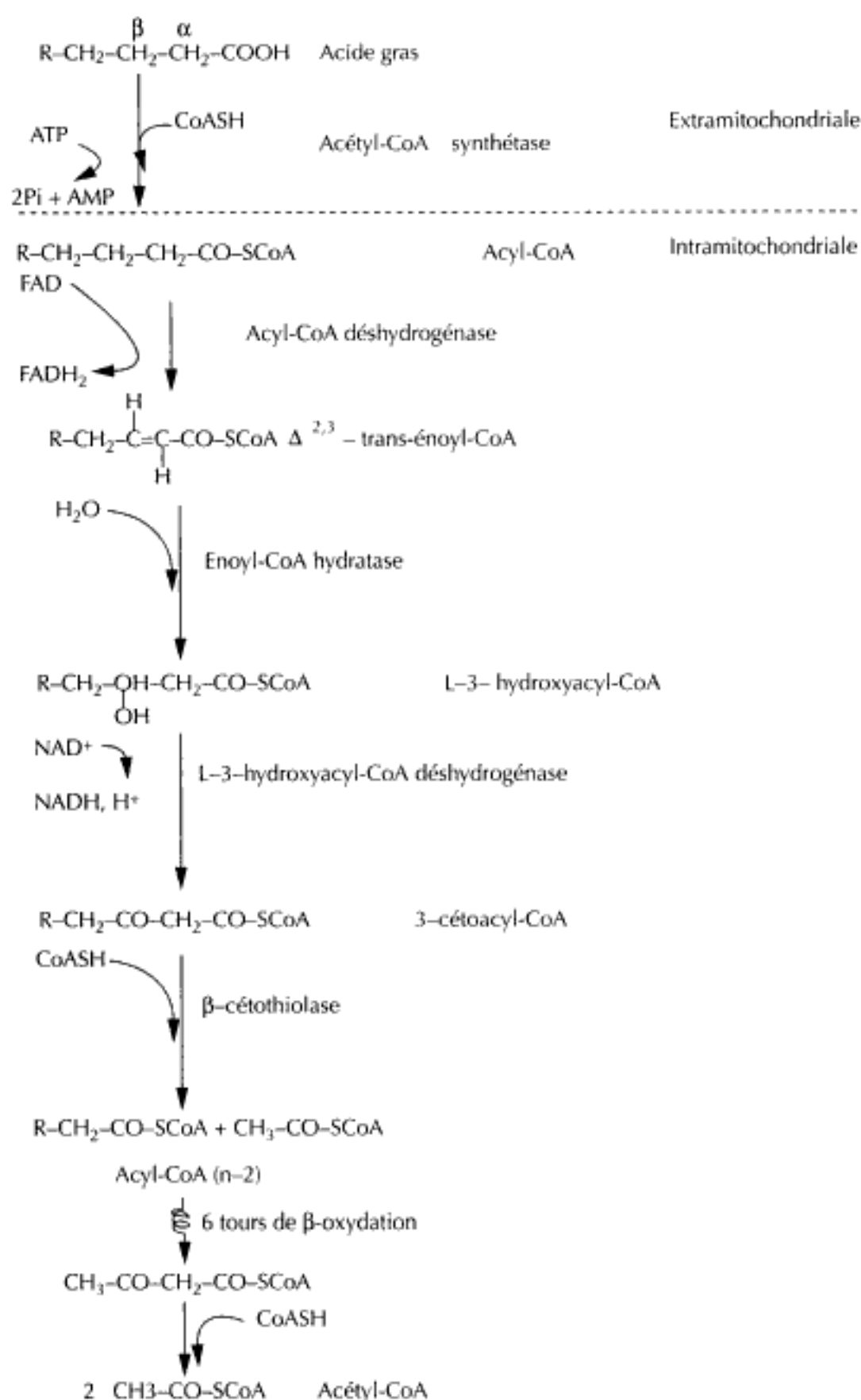


Figure 5. β-oxydation intramitochondriale d'un acide gras saturé en C₁₈ (acide palmitique)



La réoxydation d'une molécule de NADH,H⁺ et du FADH₂ (coenzyme QH₂) par la chaîne respiratoire mitochondriale permet la synthèse de trois et deux liaisons riches en énergie respectivement. L'oxydation de l'acétyl-CoA par le cycle de Krebs donne douze ATP, ainsi :

$$\begin{array}{rcl} 7 \times 2 & = & 14 \text{ ATP} \\ 7 \times 3 & = & 21 \text{ ATP} \\ 8 \times 12 & = & 96 \text{ ATP} \\ \hline & & 131 \text{ ATP} \end{array}$$

À 131 liaisons riches en énergie, il faut en retirer deux, celles hydrolysées lors de l'activation du palmitate.

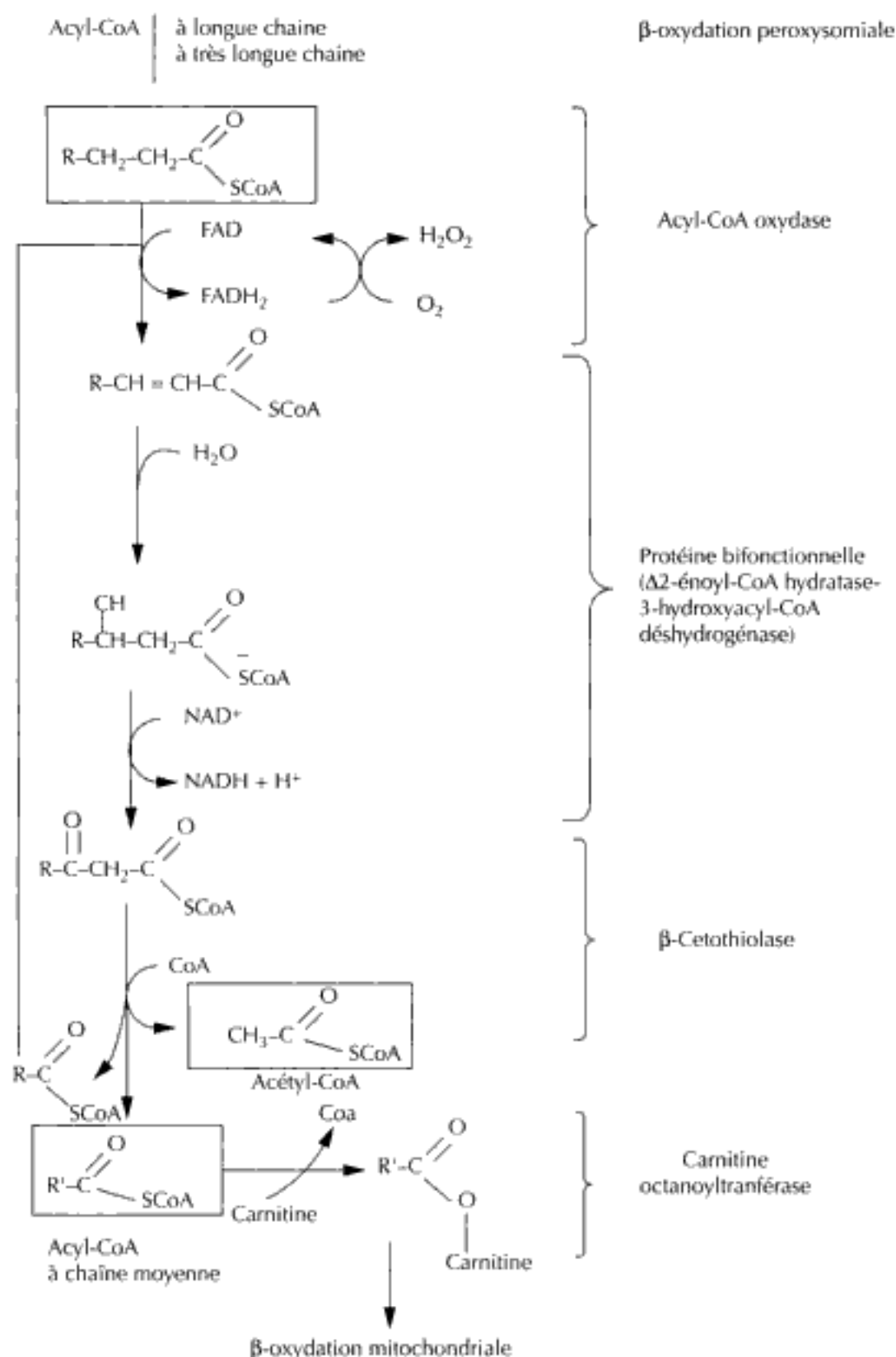
4. β -oxydation des acides gras dans les peroxysomes

Les peroxysomes sont des organites cellulaires qui doivent leur nom à leur contenu enzymatique leur permettant de métaboliser le peroxyde d'hydrogène. Ils participent à de nombreuses tâches cellulaires parmi lesquelles l'oxydation des acides gras, la formation des sels biliaires et la biosynthèse des éthers phospholipidiques.

La β -oxydation peroxysomiale contribue seulement pour 10 % à l'oxydation des acides gras. Elle se distingue de la β -oxydation mitochondriale par de nombreux aspects (fig. 6) :

- elle ne concerne que les acides gras à chaîne longue (C16 à C22) ;
- l'eau oxygénée produite sera détruite par les peroxydases et les catalases ;
- ces réactions ne permettent pas la synthèse de liaisons riches en énergie ;
- la première étape est catalysée par l'acyl-CoA oxydase avec production de peroxyde d'hydrogène. Il n'y a pas de couplage avec la chaîne respiratoire ;
- une protéine bifonctionnelle intervient dans les trois étapes suivantes :
 - les peroxysomes ont une préférence pour les AG polyinsaturés et à très longues chaînes (C > 22),
 - les AG à chaîne moyenne résultants sont transformés dans les peroxysomes en acylcarnitine,
 - ils sont ensuite oxydés dans la mitochondrie.

Il faut remarquer qu'il existe un certain nombre de maladies héréditaires liées à un déficit du métabolisme peroxysomial. Elles se caractérisent par une augmentation plasmatique des acides gras à longues chaînes. Les déficits enzymatiques peuvent être multiples avec peroxysomes hépatiques absents ou très réduits (maladie de Refsum infantile, syndrome de Zellweger et adrénoleucodystrophie néonatale) ou bien le déficit enzymatique est isolé (acyl-CoA oxydase : pseudo-adrénoleucodystrophie néonatale, β -cétotiolase peroxysomiale : pseudo-syndrome de Zellweger).

Figure 6. β -oxydation peroxysomiale des acides gras

B. Acides gras insaturés

Beaucoup de réactions sont identiques à celles qui sont décrites pour les AG saturés mais il y a intervention d'isomérases. La figure 7 représente l'oxydation du linoléate. Il s'agit d'un AG en C_{18} insaturé possédant deux doubles liaisons entre C_9 - C_{10} et C_{12} - C_{13} . Après trois tours de dégradation, le 3-cis-6-cis-dodécadiénoyl-CoA (I)

formé n'est pas un substrat pour l'acyl-CoA déshydrogénase du fait de la double liaison déjà existante et de la position *cis*. La 3,2-énoyl-coenzyme A isomérase intervient en déplaçant la position et la configuration de la double liaison, pour former le composé II qui subit un autre tour de β -oxydation. Le composé IV est réduit par la 2,4-diénoyl-CoA réductase qui est NADP dépendante en composé V. Une isomérase déplace la double liaison, le composé VI peut alors subir quatre tours de β -oxydation pour libérer les groupements acétyl-CoA.

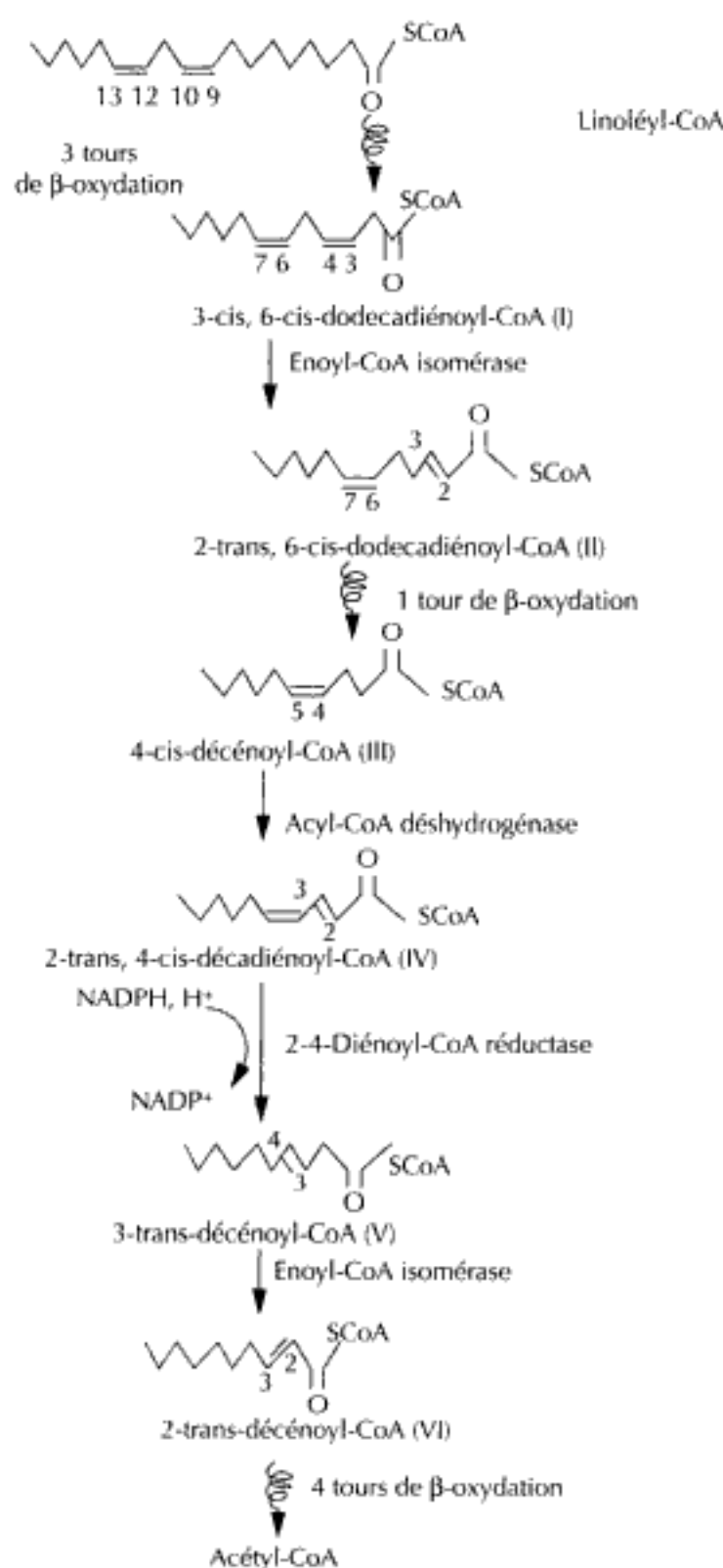


Figure 7. β -oxydation du linoléyl-CoA

C. Acides gras à nombre impair d'atomes de carbone

Ces acides gras sont peu fréquents. Ils suivent la voie de la β -oxydation. Toutefois, l'étape finale libère une molécule d'acétyl-CoA et une molécule de propionyl-CoA. Ce dernier sera converti en méthyl-malonyl-CoA par une carboxylase, puis en succinyl-CoA oxydé ultérieurement dans le cycle de Krebs.

D. ω -oxydation

Il s'agit d'une oxydation hépatique inhabituelle sur le groupement terminal CH_3 , touchant de préférence les AG à nombre impair d'atomes de carbone. Il y a libération d'acides dicarboxyliques qui sont éliminés dans l'urine ou qui peuvent subir une β -oxydation à partir des deux extrémités. Trois acides principaux sont formés : acide sébacique (C_{10}), acide subérique (C_8) et acide adipique (C_6). Cette voie oxydative est vraisemblablement sous le contrôle de mono-oxygénases appartenant à la famille des cytochromes P450.

E. Destinées de l'acétyl-CoA

Les destinées de l'acétyl-CoA, formé au cours de la β -oxydation, varient en fonction des conditions métaboliques et du tissu. Dans l'hépatocyte, l'acétyl-CoA a plusieurs destinées.

1. Destinée mitochondriale

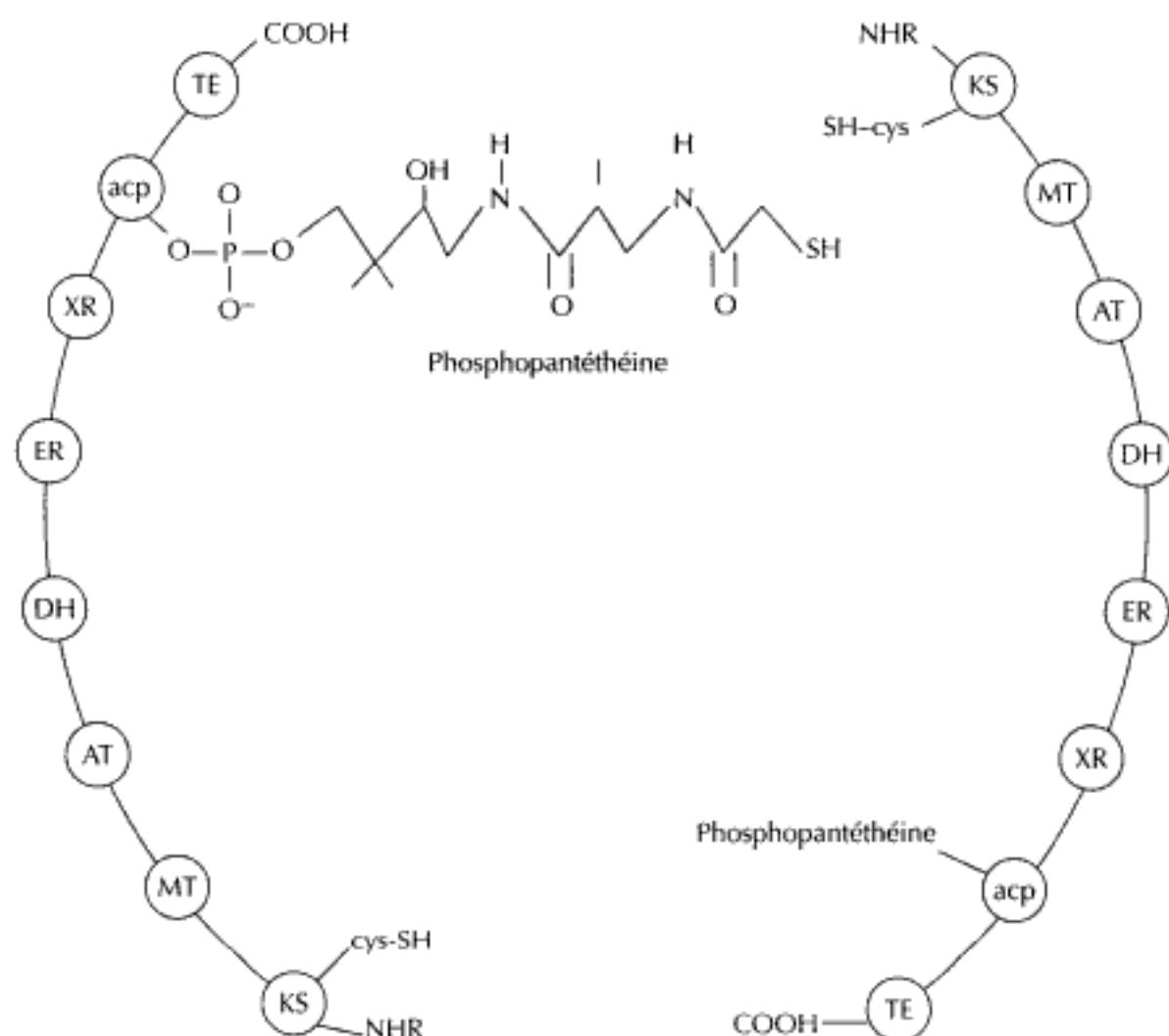
- L'acétyl-CoA se condense avec l'oxaloacétate pour donner naissance au citrate oxydé dans le cycle de Krebs.
- L'acétyl-CoA se condense à une autre molécule d'acétyl-CoA pour former l'acétoacétyl-CoA, précurseur de la cétogenèse.

2. Destinée extramitochondriale

L'acétyl-CoA cytoplasmique (provenant du secteur mitochondrial par une navette citrate-pyruvate ou citrate-malate) est à l'origine de la synthèse de cholestérol ou d'acides gras (voir « Cétogenèse » pour la régulation de l'utilisation de l'acétyl-CoA).

V. Biosynthèse des acides gras

De nombreux tissus peuvent synthétiser les acides gras, mais le tissu adipeux, le foie et l'intestin sont les plus actifs. Il peut s'agir d'allongement de chaînes d'acides gras ou de synthèse *de novo*. Dans ce dernier cas, la localisation est essentiellement hépatique. On connaît trois systèmes de synthèse des acides gras : cytoplasmique, microsomial et mitochondrial. Les deux derniers permettent surtout un allongement des chaînes d'acides gras existantes.



TE, thioestérase ; KR, β -cétoacyl-ACP réductase ; ER : énoyl-ACP réductase, DH : β -hydroxyacyl-ACP déshydratase, AT : ACP-acyltransférase, MT : ACP-malonyltransférase, KS : β -cétoacyl-ACP synthétase.

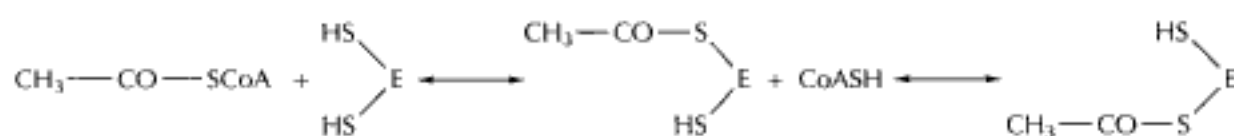
Figure 8. Représentation schématique de l'association tête-bêche des deux sous-unités formant le complexe multienzymatique acide gras synthétase

de la partie phosphopantéthéique permet à la chaîne d'acides gras en formation de venir au contact du site actif de chaque enzyme du complexe. Le système acide gras synthétase est représenté schématiquement :



c) Réaction initiale : transfert d'acyl

À partir d'acétyl-CoA, une molécule d'acétate est transférée sur le groupe thiol de l'ACP par l'ACP acyltransférase. Puis le fragment à deux carbones est transféré sur le résidu cystéine de l'enzyme condensante :



- **contrôle par phosphorylation-déphosphorylation** : la forme active de l'enzyme est déphosphorylée. Les trois enzymes catalysant des étapes clés du métabolisme lipidique (acétyl-CoA carboxylase, HMG-CoA réductase, lipase hormonosensible) sont régulées par une protéine kinase commune : l'AMP-activated protein kinase (AMP-PK) (fig. 11). L'AMP-PK est activée indirectement par les acyl-CoA qui activent une kinase kinase. L'AMP-PK est également régulée par l'AMPc qui active la phosphorylation catalysée par l'AMP-PK. Le glucagon entraînant une augmentation d'AMPc stimule la phosphorylation de l'acétyl-CoA carboxylase la rendant inactive. L'insuline a un effet inverse, via la liaison à son récepteur qui active des tyrosines kinases, celles-ci génèrent des seconds messagers qui sont antagonistes de l'AMPc et activent la phosphodiesterase qui catabolise l'AMPc en 5'AMP. Ces deux hormones jouent aussi un rôle indirect sur la lipogenèse. Le glucagon inhibe l'activité de l'acétyl-CoA carboxylase et diminue ainsi la concentration de malonyl-CoA. Or ce dernier est un inhibiteur de l'acylcarnitine transférase qui permet le transfert des AG dans la mitochondrie pour le catabolisme. Le glucagon stimule indirectement l'orientation des AG vers le catabolisme au moment où il faut fournir de l'énergie pour la gluconéogenèse. De récentes données suggèrent que la régulation de l'expression des gènes lipogéniques par l'insuline et les acides gras polyinsaturés sont médiés par le SREBP-1c (*sterol responsive element-binding protein-1c*), dans les hépatocytes et les adipocytes.

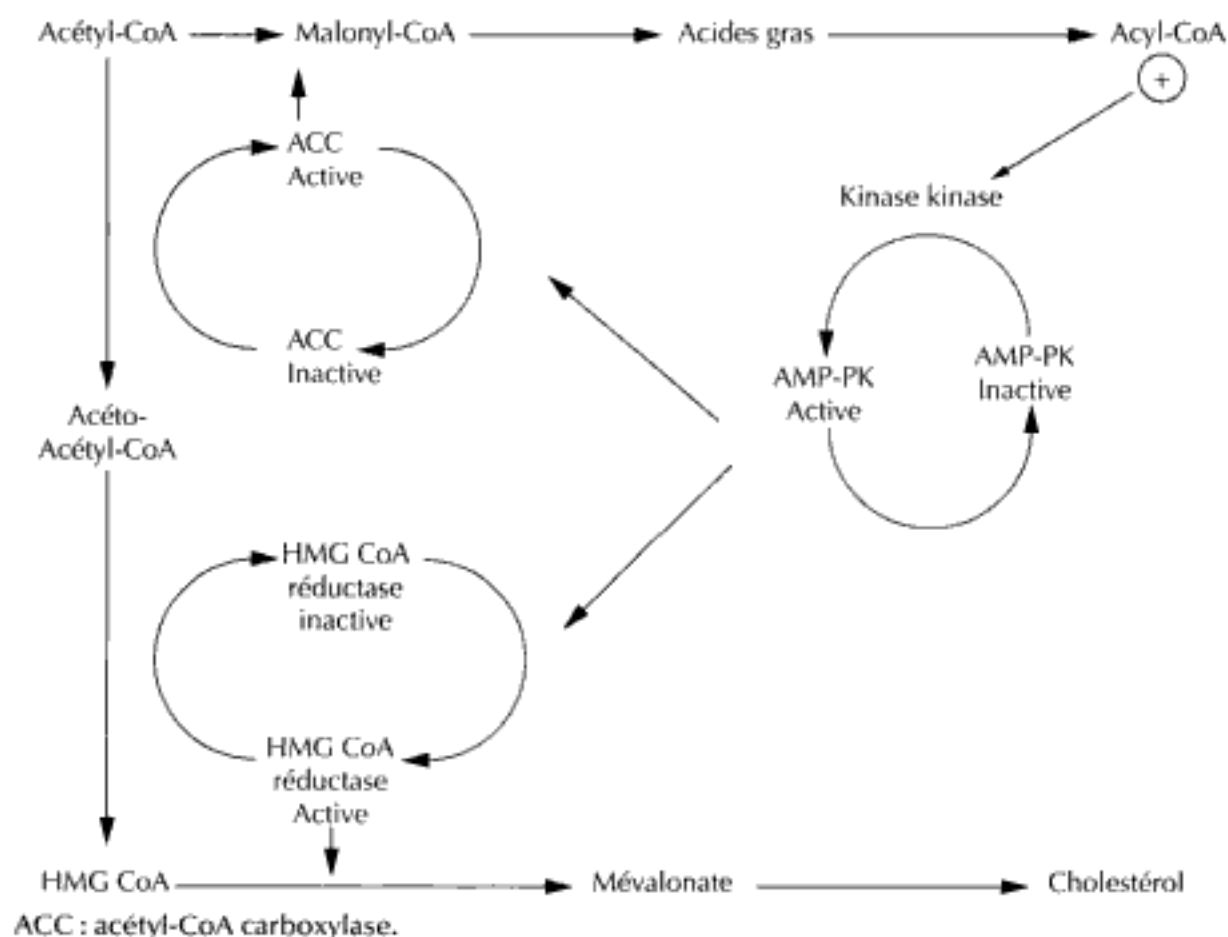


Figure 11. Rôle de l'AMP-activated protein kinase (AMP-PK)

À long terme

Il existe aussi une régulation à long terme qui s'effectue au niveau de différentes enzymes : acétyl-CoA carboxylase, acide gras synthétase, citrate lyase et enzyme malique. La synthèse de ces enzymes, réprimée durant le jeûne, est augmentée quand le glucose est disponible. L'insuline module positivement l'expression du gène de l'acétyl-CoA carboxylase à l'inverse du glucagon.

2. Acides gras à nombre impair d'atomes de carbone

Par un processus cytoplasmique, il y a condensation d'un propionyl-CoA (au lieu de l'acétyl-CoA) et du malonyl-CoA. Le propionyl-CoA provient du catabolisme de la valine et de l'isoleucine.

B. Système mitochondrial

Les acides gras sont transférés dans la mitochondrie par la carnitine. L'allongement est réalisé par des réactions enzymatiques inverses de la β -oxydation à l'exception de la réaction finale qui est catalysée par une réductase à NADPH.

C. Système microsomial

1. Élongation des acides gras

Le produit essentiel de l'acide gras synthétase est le palmitate. Les AG plus longs sont formés par des réactions d'élongation catalysées par des systèmes enzymatiques associés à la membrane du réticulum endoplasmique (connus sous le nom de « systèmes microsomaux »). Des unités à deux carbones sont ajoutées à l'extrémité carboxylique des acides gras saturés ou non saturés, il s'agit d'unités malonyl-CoA. Dans ce cas, l'ACP ne joue pas le rôle de transporteur. Ce système fournit les AG en C22 mais également les AG polyinsaturés.

2. Biosynthèse des acides gras insaturés

Les acides gras saturés (acide stéarique, acide palmitique) peuvent être soit allongés, soit transformés en acides gras monoinsaturés menant à des acides gras non indispensables, les acides oléique et palmitoléique [C18:1 (9)][C16:1 (9)].

On ne leur a attribué jusqu'à présent, ainsi qu'à leurs dérivés polyinsaturés et hautement insaturés, qu'un rôle palliatif structural lors d'une carence en acides gras essentiels. Chez l'homme en situation physiologique, les acides gras polyinsaturés forment un ensemble de douze acides gras qui jouent un rôle essentiel : la famille de l'acide linoléique et celle de l'acide α -linoléique. Seul le monde végétal est capable de synthétiser la double liaison *cis* en 12 conduisant à l'acide linoléique et la double liaison *cis* en 15 conduisant à l'acide α -linoléique. Ce sont donc des nutriments indispensables pour les animaux (fig. 12).

Les systèmes microsomaux peuvent introduire des doubles liaisons grâce à l'intervention de la désaturase et un allongement par unité en C2 (acétyl-CoA) par des

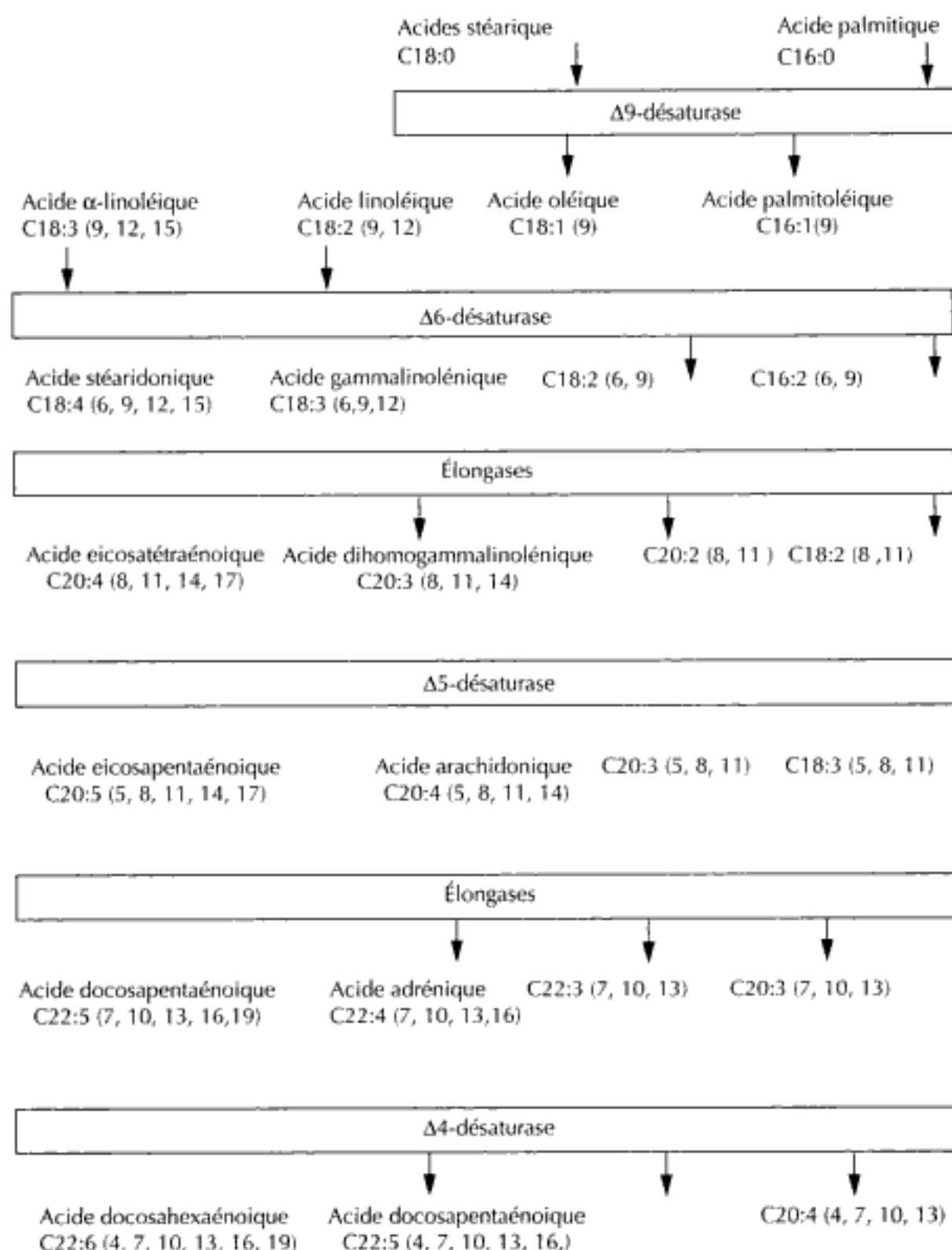


Figure 12. Biosynthèse des acides gras insaturés

élongases. Les désaturases ont une spécificité de substrat assez large mais une spécificité de position étroite qui permet de les classer en $\Delta 9$, $\Delta 6$, $\Delta 5$. L'existence de la désaturase en $\Delta 4$ est de plus en plus contestée.

Les régulations des différentes désaturases ont été étudiées, notamment celles de la $\Delta 6$ et de la $\Delta 9$. L'activité de la $\Delta 6$ est stimulée par l'insuline. Cette dernière hormone conduit à un hyperfonctionnement de la $\Delta 9$ en entraînant une hyperproduction d'acide oléique endogène. En revanche, si le régime est riche en acide oléique, la $\Delta 9$ désatu-

rase est bloquée. L'adrénaline, la cortisone et la thyroxine inhibent l'activité de la $\Delta 9$ désaturase. Par ailleurs, les désaturases ont une affinité plus grande pour les acides gras les plus longs et les plus désaturés. Un excès d'apport en acide α -linoléique peut inhiber la désaturation de l'acide linoléique, une grande quantité d'acide oléique peut interférer sur la désaturation de l'acide α -linoléique et linoléique.

Les acides gras polyinsaturés (AGPI) contribuent à la constitution des glycérophospholipides de la couche bilipidique des membranes. Ils peuvent être libérés de ces phospholipides sous l'action de diverses phospholipases, essentiellement des phospholipases A2. Cette activité des phospholipases est modulée par le calcium ionisé (activateur) et les lipocortines, protéines inhibitrices dont les actions sont elles-mêmes contrôlées par la protéine kinase C. Les glucocorticoïdes ont un effet anti-inflammatoire lié à une stimulation de la synthèse des lipocortines, inhibant ainsi la libération des AGPI. Ces AGPI sont ensuite soit réincorporés aux phospholipides (PL) membranaires, soit, pour trois d'entre eux, les acides dihomogammalinoléique, arachidonique et eicosapentaénoïque, orientés vers deux voies métaboliques conduisant à des médiateurs lipidiques d'une importance majeure sur le plan des processus immunitaires, les prostaglandines (PGs) et les leucotriènes (LTs). L'acide arachidonique est, sur ce plan, l'acide gras le plus important.

La biosynthèse des PGs et des LTs est conditionnée, au niveau des membranes qui viennent de libérer ces trois AGPI, par l'activité de deux systèmes enzymatiques, les voies des cyclo-oxygénases et lipo-oxygénases, réparties de façon spécifique au niveau de chaque tissu, ce qui explique les différences de capacité de synthèse de ces médiateurs chimiques selon les cellules. Schématiquement, la voie initiée par les cyclo-oxygénases conduit aux prostaglandines :

- PGE1, PGF1, thromboxane A2, à partir de l'acide dihomogammalinoléique ;
- PGE2, PGF2, PGD2, PGH1, thromboxane A2, à partir de l'acide arachidonique ;
- PGE3, PGF3, PGD3, PGL3, thromboxane A3, à partir de l'acide eicosapentaénoïque.

Deux voies lipo-oxygénasiques, la 12-lipo-oxygénase et la 5-lipo-oxygénase, conduisent à une série de produits actifs, les leucotriènes. Différents selon l'AGPI qui leur a donné naissance, les LTs les plus importants sur le plan de l'immunité sont le LTB4, synthétisé à partir de l'acide arachidonique, et le LTB5, formé à partir de l'acide eicosapentaénoïque.

VI. Métabolisme des acides gras et des triglycérides en fonction de l'état nutritionnel

Le métabolisme des acides gras et des triglycérides dans l'hépatocyte et l'adipocyte est déterminé par l'état nutritionnel. En période postprandiale, la charge glucidique et la hausse du rapport insuline-glucagon déclenchent la synthèse des acides gras. L'augmentation de la concentration de malonyl coenzyme A, inhibiteur de la carnitine acyltransférase I, freine l'entrée des acyl coenzymes A dans la mitochondrie : ainsi la synthèse des acides gras s'oppose à leur dégradation par β -oxydation. Durant cette période, les acides gras sont transportés du foie vers les tissus adipeux pour être mis en réserve sous forme de triglycérides. Dans les états de jeûne, la syn-

thèse des acides gras est inhibée. Les triglycérides, mis en réserve dans le tissu adipeux, sont dégradés. Les acides gras et le glycérol sont libérés dans le sang. Ces acides gras rejoignent les tissus consommateurs d'acides gras (muscle et myocarde). Ces acides gras d'origine lipolytique (libérés sous l'action de la baisse du rapport insuline-glucagon) inhibent, sous la forme d'acyl-CoA, l'acétyl-CoA carboxylase. Il y a donc une levée d'inhibition du malonyl-CoA sur la carnitine palmitoyltransférase I, ce qui accélère l'entrée des acyl-CoA dans la mitochondrie où ils subiront la β -oxydation. Dans le foie, l'augmentation de la β -oxydation des acides gras, provenant du tissu adipeux, entraîne une augmentation de l'acétyl-CoA disponible pour la synthèse des corps cétoniques. Ces derniers sont utilisés dans les tissus périphériques comme source énergétique. Le glycérol est utilisé pour la gluconéogenèse. Le fructose 1,6-diphosphate lève l'inhibition de l'acide gras synthétase produite par le NADPH au cours du jeûne.

L'essentiel de la question

Les acides gras sont des acides carboxyliques à longues chaînes aliphatiques. L'acétyl coenzyme A est le métabolite clé. En effet, le catabolisme par β -oxydation des acides gras aboutit à l'acétyl coenzyme A et sa synthèse est réalisée à partir de celui-ci. Il existe ensuite des réactions d'élongation ou de désaturation. Les acides gras ont trois rôles essentiels : structural (composition des phospholipides et glycolipides membranaires), fonctionnel (des dérivés des acides gras sont des modulateurs ou messagers cellulaires [leucotriène, diacylglycérol]) et énergétique. Ils sont sources d'énergie dans la plupart des tissus mais surtout dans les muscles et le myocarde. Les acides gras cellulaires proviennent soit des triglycérides des lipoprotéines, par hydrolyse grâce aux lipoprotéines lipases, ou par hydrolyse des triglycérides du tissu adipeux par la triglycéride lipase. Ces acides gras subissent ensuite la β -oxydation, ou hélice de Lénen, qui est une voie catabolique oxydative (par transfert des atomes d'hydrogène sur les NAD et coenzyme Q) aérobie pour aboutir à de l'acétyl coenzyme A. Il s'agit d'une voie mitochondriale. Les acides gras à longue chaîne sont catabolisés dans les peroxysomes.

La synthèse des acides gras est impossible par simple réaction réversible de l'hélice de Lénen. Il existe trois mécanismes de synthèse différents selon sa localisation : la synthèse cytosolique à partir de l'acétyl coenzyme A jusqu'à C16, l'élongation mitochondriale et l'élongation et/ou désaturation microsomaux. Le substrat de la synthèse cytosolique est l'ATP, l'acétyl coenzyme A, qui provient surtout de la glycolyse et le NADPH, H⁺ venant de la voie des pentoses et du cycle de Lardy (pyruvate-malate). L'enzyme clé est l'acétyl coenzyme A carboxylase. Cette enzyme est régulée par un contrôle allostérique dont l'activateur principal est le citrate et par un contrôle sous la dépendance d'enzymes phosphorylantes (inactivation) ou déphosphorylantes (activation). L'insuline active directement cette enzyme en activant la déphosphorylation. Le glucagon a l'effet inverse.

Les triglycérides sont des esters d'acides gras et de glycérol. La synthèse des triglycérides est réalisée à partir d'acides gras et de glycérols préalablement activés et le catabolisme aboutit à des acides gras et du glycérol. Les triglycérides ont trois rôles essentiels pour les acides gras. Il s'agit de la forme d'apport alimentaire, de transport plasmatique et de stockage intracellulaire.

Le métabolisme des triglycérides a lieu dans l'intestin, le tissu adipeux, le foie, les muscles et le myocarde. La synthèse des triglycérides nécessite deux substrats : les acides gras activés en acyl coenzyme A et le glycérol. Ce dernier est actif sous forme de deux monoglycérides dans l'entérocyte et de glycérol 3-phosphate dans les autres tissus. Celui-ci provient de la phosphorylation du glycérol ou de la réduction du dihydroxyacétone phosphate.

Il existe trois enzymes intervenant dans le métabolisme des triglycérides : la lipase pancréatique, intervenant dans l'hydrolyse des triglycérides alimentaires, la lipoprotéine lipase hydrolysant les triglycérides circulant transportés par les chylomicrons ou les VLDL et la lipase hormonosensible (triglycéride lipase) cellulaire dont l'activité est contrôlée par les hormones.

L'intestin est un lieu de production des triglycérides exogènes, après l'hydrolyse des triglycérides alimentaires par la lipase pancréatique. Les acides gras entérocytaires permettent la néosynthèse de triglycérides qui seront incorporés dans les chylomicrons. Le tissu adipeux stocke sous forme de triglycérides les acides gras provenant des chylomicrons ou VLDL qui ont subi l'action de la lipoprotéine lipase. En fonction des besoins, il y a resynthèse de triglycérides ou lipolyse par la lipoprotéine lipase hormonosensible. Cela permet de redistribuer les acides gras vers les tissus consommateurs, muscles et myocarde, qui les utilisent comme substrats énergétiques.

Pour en savoir plus

- Wanders R.J., Van Grunsven E.G., Jansen G.A. Lipid metabolism in peroxisomes : enzymology, functions and dysfunctions of the fatty acid alpha- and beta-oxidation system in human. *Biochem. Society Transactions*, 2000 ; 28 : 141-9.
- Saleh J., Sniderman A.D., Cianflone K. Regulation of plasma fatty acid metabolism. *CCA*, 1999 ; 286 : 163-80.
- Large V., Peroni O., Letexier D. et al. Metabolism of lipids in human white adipocyte. *Diabetes Metab*, 2004 ; 30 : 294-309.
- Legrand P. Données récentes sur les désaturases. *Cah Nutr Diet*, 2003 ; 38 : 376-83.



Régulation de la biosynthèse du cholestérol

C. AUSSEL, Laboratoire de biologie, Hôpital Émile Roux, AP-HP,
Limeil-Brevannes.

- I. Synthèse du cholestérol**
- II. Métabolisme du cholestérol**
- III. Régulation de la biosynthèse du cholestérol**
 - A. À court terme dans le foie**
 - B. À long terme dans les tissus périphériques**

Le cholestérol assure plusieurs fonctions biologiques capitales, il s'agit du précurseur des acides biliaires, des hormones stéroïdes de la vitamine D₃ et il participe à la structure des membranes cellulaires.

Le cholestérol de l'organisme des animaux supérieurs provient soit d'un apport exogène (100 à 500 mg par jour) soit, pour la plus grande part (700 à 900 mg), d'une synthèse de novo à partir de l'acétate. L'enzyme clef régulant la synthèse du cholestérol est la β -hydroxy- β -méthylglutaryl-coenzyme A (HMG-CoA) réductase.

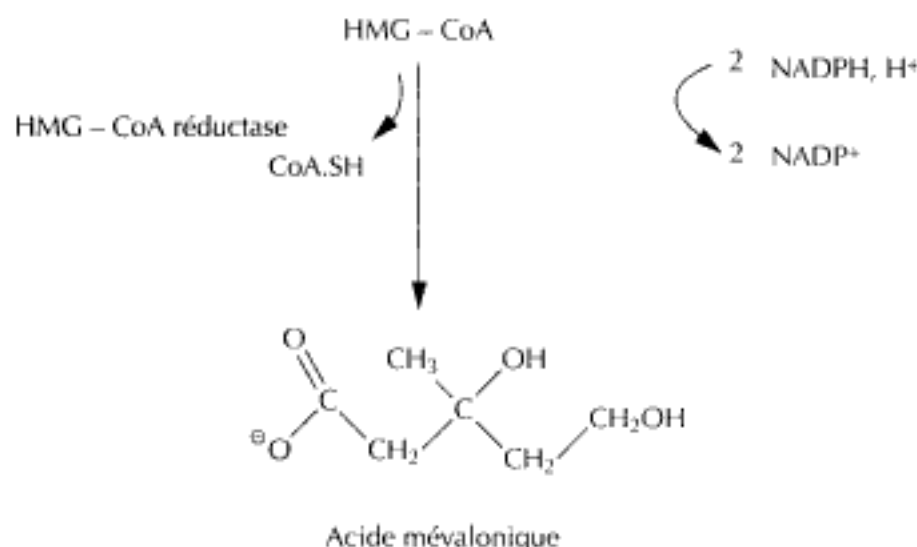
Le cholestérol n'est pas hydrosoluble. Il circule dans le sang sous forme libre ou estérifiée par un acide gras, toujours au sein d'une lipoprotéine. Le cholestérol est transporté par tous les types de particules lipoprotéiques. Cependant, environ 70 % du cholestérol plasmatique est transporté par les lipoprotéines de basse densité (LDL, low density lipoprotein), le reste est contenu dans les lipoprotéines de très faible (VLDL, very low density lipoprotein) et surtout de haute densité (HDL, high density lipoprotein). La cholestérolémie d'un individu sain est stable, elle dépend de la concentration plasmatique en LDL. La compréhension des facteurs qui modulent les deux principaux processus de renouvellement du cholestérol, biosynthèse et transformation en acide biliaire, est encore incomplète.

I. Synthèse du cholestérol

La synthèse du cholestérol s'effectue dans toutes les cellules de l'organisme mais seul l'intestin et le foie contribuent de façon quantitative au cholestérol circulant. La voie de synthèse du cholestérol produit aussi en faibles quantités des radicaux prénoïdes : isopentényl, géranyl et farnésyl et des dérivés de ces radicaux (ubiquinone). La synthèse est cytoplasmique. Tous les atomes de carbone du cholestérol sont issus de l'acétate qui provient essentiellement de l'acétyl-CoA du métabolisme glucidique. Les acides gras à chaîne courte (C8), les corps cétoniques et la leucine sont aussi des substrats pour la synthèse de cholestérol. La première phase de la synthèse conduit à la production de 3-hydroxy-3-méthylglutaryl-CoA (HMG-CoA). L'étape suivante, la synthèse de mévalonate, est catalysée par la HMG-CoA réductase. Il s'agit de l'étape limitante de la synthèse de cholestérol. Cette réaction est irréversible. Toutefois, des travaux récents ont montré que le retour du mévalonate en HMG-CoA était possible. En effet, dans le tissu nerveux, une voie mineure (cycle de Popjak) permet de resynthétiser l'HMG-CoA à partir du diméthylallylpyrophosphate (DMPP). Les étapes intermédiaires de la voie de synthèse, jusqu'au farnésyl pyrophosphate, conduisent aux synthèses des radicaux isopentényl et farnésyl et des isoprénoïdes ou terpénoïdes (ubiquinone). Les synthèses des stérols (cholestanol, vitamine D et cholestérol) débutent à partir de squalène.

II. Métabolisme du cholestérol

Le métabolisme du cholestérol est complexe. Il existe des échanges interorganes, les lipoprotéines servant de transporteur. Le cholestérol s'échange entre les diverses lipoprotéines et également entre les lipoprotéines et les différentes cellules de l'organisme. La figure 1 met en évidence les échanges dynamiques du cholestérol



entre les différents organes. Le plasma constitue le compartiment central et les organes les différents compartiments périphériques. Le foie joue un rôle clé car il effectue la synthèse du cholestérol et est l'organe exclusif de la transformation du cholestérol en acides biliaires. Ceux-ci sont ultérieurement conjugués à la taurine et à la glycine dans les peroxysomes. L'intestin grêle, autre organe essentiel de la synthèse du cholestérol, représente le site spécifique de l'absorption du cholestérol alimentaire ou biliaire.

Au plan hépatique, dans les périodes postprandiales, la synthèse du cholestérol est réalisée à partir des hydrates de carbone. Le cholestérol est incorporé aux lipoprotéines de très faible densité contenant l'apoprotéine B100. Les VLDL sont sécrétées dans la circulation où elles subissent une dégradation rapide par les lipoprotéines lipases activées par les apo CII présentes à la surface des VLDL. L'hydrolyse des triglycérides induit des modifications structurelles conduisant au départ des apolipoprotéines C. Des édifices plus petits, enrichis en apo B100 et E en ester de cholestérol apparaissent. Ce sont les résidus ou *remnants* de VLDL ou lipoprotéines de densité intermédiaire (IDL, *intermediate density lipoprotein*). Deux voies métaboliques transforment les IDL :

- voie des récepteurs : une grande quantité d'IDL formée est internalisée et dégradée dans le foie via les récepteurs B/E (récepteur LDL) ;
- voie de la lipase hépatique : des quantités plus faibles de particules IDL sont dégradées dans la circulation par la lipase hépatique qui transforme les IDL en LDL.

La reconnaissance des LDL par leurs apo B100 se fait au niveau du foie mais aussi de l'ensemble des cellules de l'organisme qui possèdent le récepteur spécifique. Nous verrons que l'entrée du cholestérol dans les cellules par le biais des LDL entraîne une régulation de sa synthèse.

Dans le domaine intestinal, le cholestérol alimentaire ou biliaire est absorbé par les entérocytes qui incorporent le cholestérol dans les chylomicrons. Ceux-ci, via la lymphe, se retrouvent dans la circulation, ils subissent l'action de la lipoprotéine lipase, perdent les triglycérides et se détachent pour former des HDL naissantes discoïdales. Les édifices résiduels enrichis en apo 48 et E se reforment autour des esters de cholestérol et des molécules restantes des triglycérides. Ces résidus des

chylomicrons riches en cholestérol sont captés par le foie grâce à un récepteur spécifique qui reconnaît l'apo E présente à la surface des chylomicrons. La majorité du cholestérol arrive au foie par cette voie. Le foie récupère également le cholestérol excédentaire des tissus périphériques. Les HDL discoïdales peuvent s'enrichir en cholestérol qu'elles soustraient aux cellules périphériques. Le cholestérol libre est estérifié par la lécithine cholestérol acyltransférase (LCAT) activée par l'apo A1. Le cholestérol estérifié migre au centre des édifices transformant ceux-ci en HDL3. Les HDL3 captent aussi les molécules de cholestérol membranaire pour se transformer en HDL2. Les HDL2 sont pour la plupart reconnues et dégradées dans le foie par des récepteurs aux apo A1 présentes dans la structure des HDL. Il s'agit du transport *reverse* ou inverse du cholestérol (RTC, reverse cholesterol transport). Au plan hépatique, le cholestérol est soit remis en circulation soit excrété dans la bile directement ou après transformation en acides biliaires. La cholestérol 7 α -mono-oxygénase est la première enzyme intervenant dans la dégradation du cholestérol en acide biliaire. Elle est soumise à une régulation. Les niveaux de transcription et d'activité de cette enzyme sont contrôlés par les sels biliaires les plus hydrophobes, comme le glycodésoxycholate, et par le cholestérol. Le taux de transcription de l'enzyme est accru par le cholestérol d'origine alimentaire. L'activité de l'enzyme est stimulée par le cholestérol non estérifié des HDL.

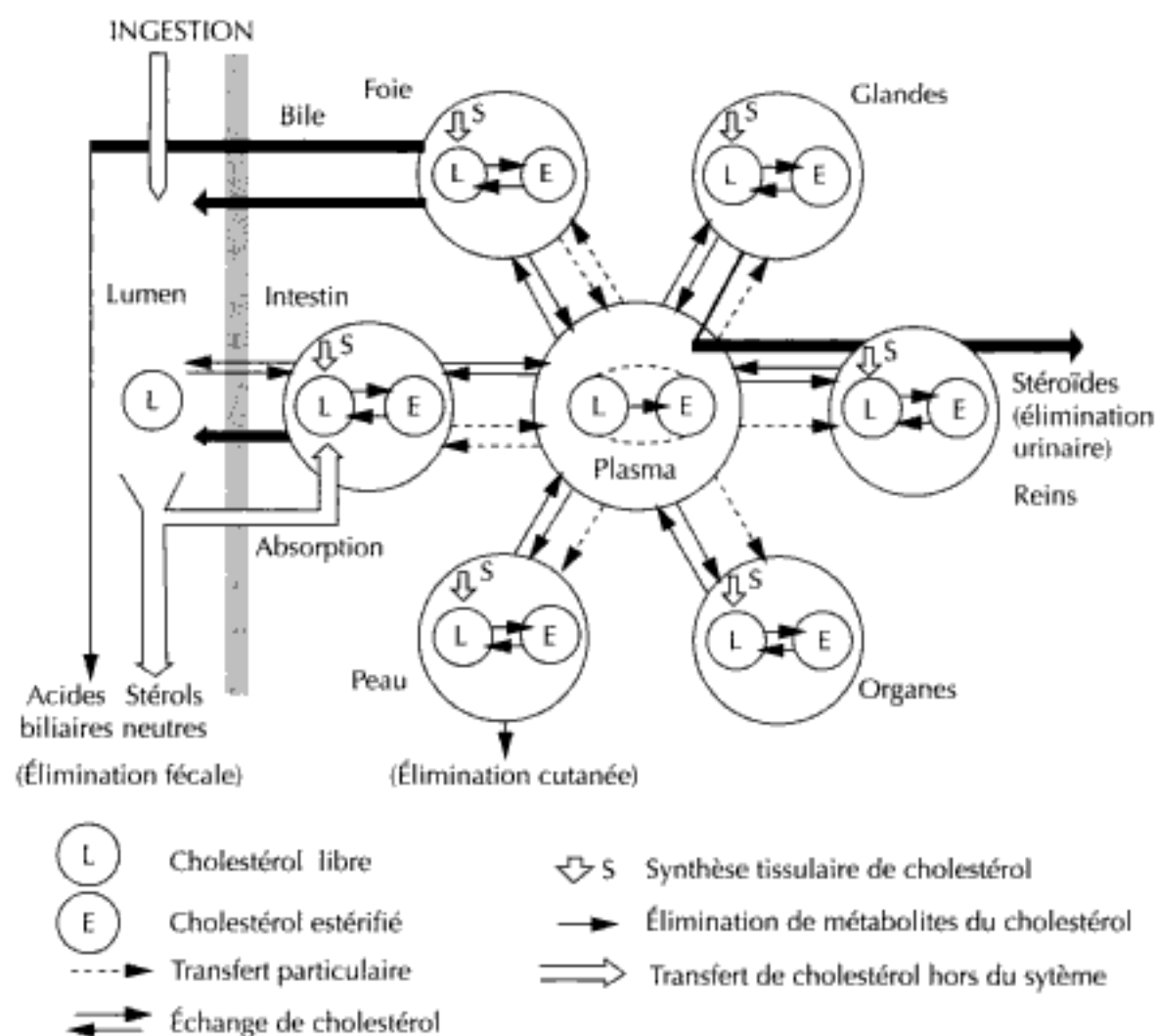


Figure 1. Échanges dynamiques du cholestérol (d'après Lutton C.)

La bile est la principale source d'excrétion du cholestérol de l'organisme, et ce sont les sels biliaires qui maintiennent le cholestérol en solution dans la bile. Lorsque le cholestérol se trouve en trop grande quantité, il peut se cristalliser, empêchant la bile de sortir. La régulation de la synthèse des acides biliaires est donc essentielle. Elle met notamment en jeu des protéines de transport intracellulaire du cholestérol et des récepteurs nucléaires. La régulation du trafic du cholestérol dans la cellule est assurée par des protéines de transport comme les SCP2 (*sterol carrier protein 2*). Ces protéines sont localisées dans le peroxysome : elles permettent le transport du cholestérol vers les canalicules biliaires des hépatocytes. Les récepteurs nucléaires aux oxystérols ou *liver X receptor* (LXR) jouent un rôle important dans la régulation des voies métaboliques contrôlant la dégradation cellulaire du cholestérol en acides biliaires. Notamment lors d'un excès d'acides biliaires, le récepteur farnesoïde X ou FXR stimule l'expression hépatique de BSEP (*bile salt export pump*), qui est le principal système d'élimination des acides biliaires dans le canalicule biliaire.

III. Régulation de la biosynthèse du cholestérol

L'hydroxyméthylglutaryl-CoA réductase (HMG-CoA réductase) est l'enzyme qui régule la synthèse endogène du cholestérol. La diminution de son activité cellulaire par rétrocontrôle négatif permet de réduire la synthèse de cholestérol endogène. Plusieurs mécanismes physiologiques contrôlent l'activité de cette enzyme.

A. À court terme dans le foie

Elle intervient surtout au niveau hépatique. Il s'agit d'une régulation complexe. La durée de vie de l'HMG-CoA réductase est courte (trois ou quatre heures) et sa concentration cellulaire est très variable (une à deux cents fois). Elle résulte de réactions de phosphorylation-déphosphorylation de l'enzyme. L'HMG-CoA réductase, inactive à l'état phosphorylé, est activée par déphosphorylation sous l'action d'une réductase phosphatase (fig. 2).

Ce système implique une réductase kinase spécifique. La forme phosphorylée de cette kinase, seule active, est contrôlée par une réductase kinase kinase et une réductase kinase phosphatase.

Ce système est sensible au glucagon et à l'insuline. Le glucagon, via une protéine kinase AMP cyclique dépendante, active un inhibiteur de phosphatase qui, agissant à trois niveaux, diminue l'activité de la HMG-CoA réductase. Ainsi le glucagon, en favorisant la formation de la forme inactive de la HMG-CoA réductase, diminue la vitesse de synthèse du cholestérol. L'insuline a un effet opposé. C'est un système très rapide, l'activité de la réductase s'élève en période postprandiale et diminue en période de jeûne.

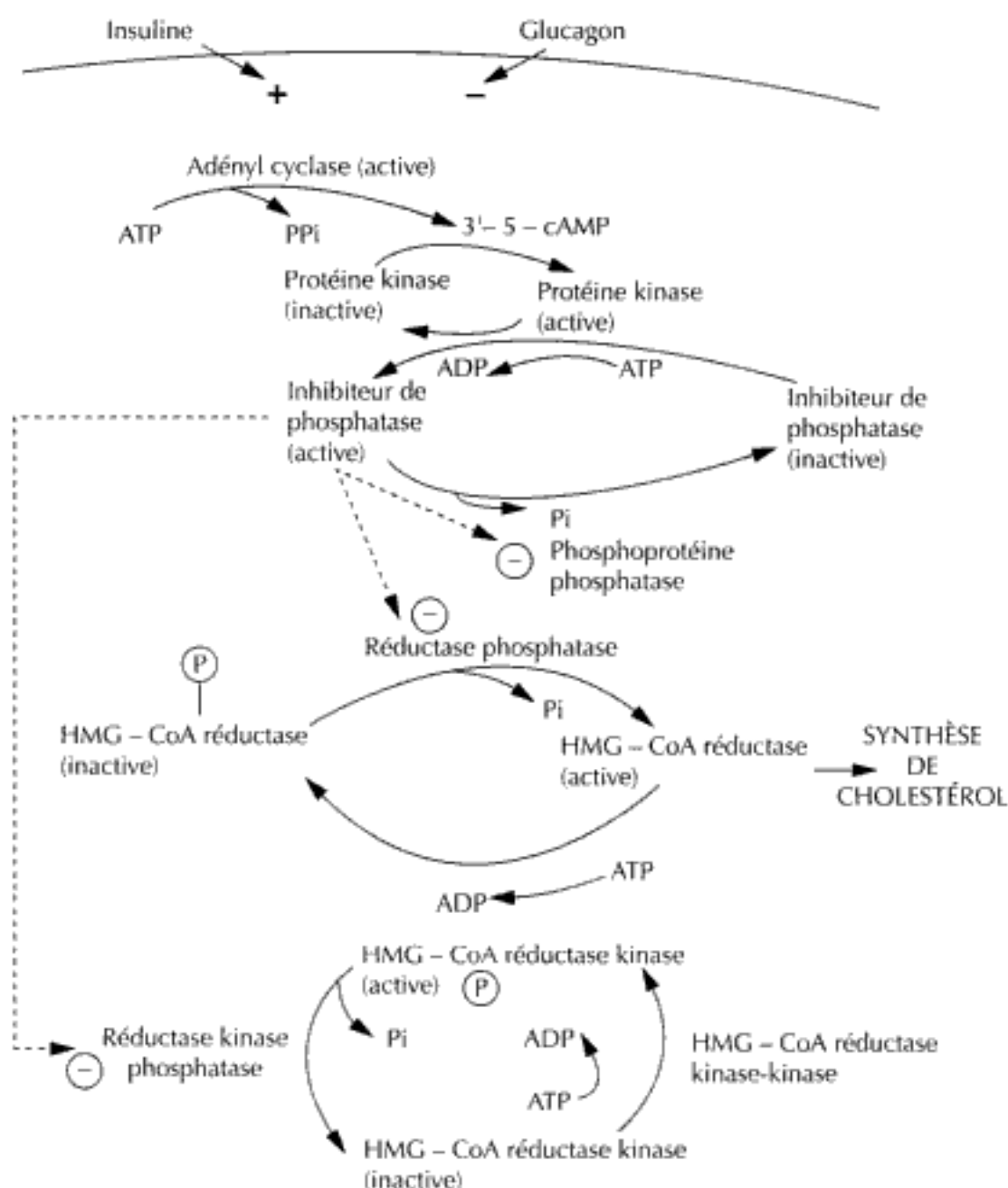


Figure 2. Régulation de l'hydroxyméthylglutaryl-CoA réductase

B. À long terme dans les tissus périphériques

Le cholestérol et les oxystérols répriment la synthèse des gènes de cette voie métabolique à 80 % environ. Le mévalonate, quant à lui, peut presque totalement inactiver l'activité restante. Le cholestérol inhibe l'HMG-Co réductase en laissant une activité résiduelle permettant la synthèse des dérivés isoprénoides qui sont indispensables au cycle cellulaire.

La régulation de la synthèse des enzymes qui contrôlent la synthèse du cholestérol est faite par induction. Les SREBP1 et 2 (*sterol regulatory element-binding protein*) sont des protéines localisées sur la face cytoplasmique du réticulum endoplasmique et sur l'enveloppe cellulaire. Il s'agit de facteurs de transcription des gènes qui participent à la régulation de la concentration cellulaire en cholestérol. La partie NH_2 terminale des SREBP1 et 2 est libérée dans le cytosol par l'intermédiaire d'une protéase

quand les concentrations cellulaires en cholestérol sont basses. Le facteur transrégulateur ainsi libéré est transporté dans le noyau où il se lie à l'élément cis-régulateur correspondant. Il y a alors stimulation de la transcription des gènes cibles. L'élément cis-régulateur est présent dans le promoteur de l'HMG-CoA réductase et l'HMG-CoA synthase ainsi que dans celui du récepteur des LDL permettant la captation du cholestérol extracellulaire. Le cholestérol, au contraire, inhibe la libération de SREBP1 et 2. Par ailleurs, le cholestérol augmente la dégradation de l'HMG-CoA réductase. Il semble que l'élévation du cholestérol membranaire augmenterait la formation des agrégats d'HMG-CoA réductase, stade qui favorise sa dégradation.

Ces phénomènes interviennent lors de l'internalisation des molécules de LDL qui livre le cholestérol aux cellules. La figure 3 met en évidence les autres mécanismes qui apparaissent lors de l'internalisation des molécules de LDL. Ces mécanismes de régulation permettent de garder constante la concentration cellulaire en cholestérol non estérifié. Le cholestérol active l'acyl-CoA cholestérol acyltransférase (ACAT), enzyme estérifiant le cholestérol. Le cholestérol en excès est engrangé sous forme d'ester de cholestérol dans la cellule, forme moins toxique que le cholestérol libre.

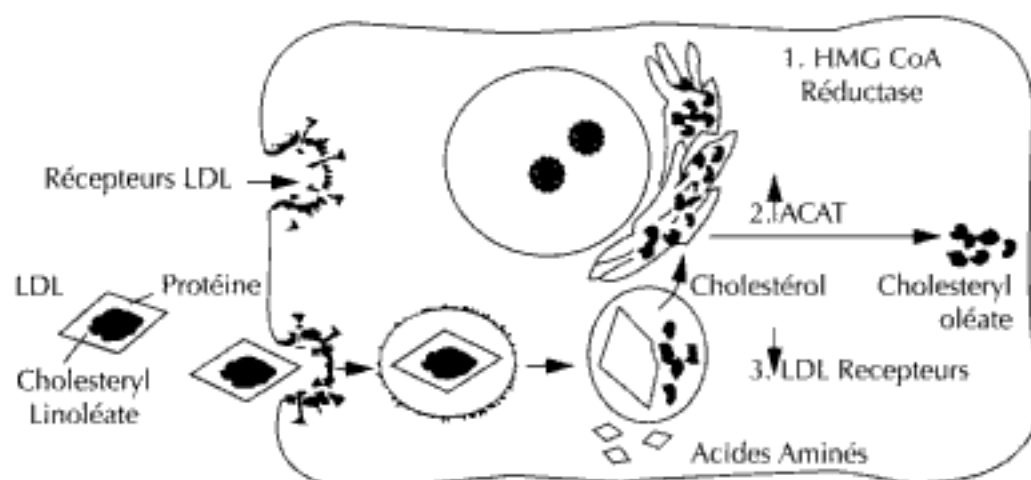


Figure 3. Contrôle de la concentration intracellulaire de cholestérol après internalisation des LDL

Le cholestérol contrôle son entrée dans la cellule en inhibant la synthèse des récepteurs des HDL. Cette action a pour but de prévenir une surcharge cellulaire en cholestérol. Ainsi, la pénétration du cholestérol à l'intérieur de la cellule entraîne une série de rétrocontrôles métaboliques visant à protéger la cellule d'une surcharge éventuelle. Quand les lipoprotéines sont accessibles, les cellules utilisent de préférence le cholestérol fourni par la voie des récepteurs et la synthèse *de novo* est inhibée par rétrocontrôle. L'alimentation joue un rôle important dans la régulation de la biosynthèse du cholestérol. Une alimentation riche en cholestérol entraîne une augmentation des concentrations plasmatiques des LDL. En effet, parallèlement à la diminution de l'activité HMG-CoA réductase, ce type d'alimentation entraîne une diminution des récepteurs des LDL. Leur catabolisme étant réduit, leur concentration plasmatique augmente. Les LDL séjournent plus longtemps dans le plasma puisque leur durée de demi-vie est augmentée. Elles sont modifiées, surtout oxydées par des radicaux libres, et sont alors reconnues par un autre récepteur (dit « scavenger ») différent du récepteur apo B qui se situe au niveau de la

membrane des macrophages. Ce récepteur n'est pas régulé par l'apport intracellulaire en cholestérol. Les LDL oxydées pénètrent dans le macrophage et subissent toutes une suite de réactions aboutissant au dépôt intracellulaire de cholestérol estérifié et finalement à la transformation du macrophage en cellule spumeuse, base de la lésion d'athérosclérose. Il est connu également que l'apport alimentaire en acide gras saturés augmente la cholestérolémie à la différence des acides gras polyinsaturés de la famille des oméga 3 (également notés « $\omega 3$ »). La cholestérolémie dépend aussi de son catabolisme qui est contrôlé par la 7 α -hydroxylase, enzyme clé de la dégradation du cholestérol en acides biliaires et par le taux de réabsorption des sels biliaires par le cycle entérohépatique. D'un point de vue thérapeutique, il existe des inhibiteurs de l'HMG-CoA réductase. Ils présentent une similitude structurale avec l'HMG-CoA, substrat physiologique de l'enzyme au niveau de leur chaîne latérale. Ils agissent par inhibition spécifique et compétitive vis-à-vis de l'enzyme avec une affinité très supérieure à celle de l'HMG-CoA. Cette inhibition bloque la synthèse endogène de cholestérol à un stade très précoce de sa chaîne métabolique. La conséquence finale de cette inhibition sur la synthèse endogène du cholestérol au niveau hépatique est l'augmentation de la synthèse des récepteurs des LDL avec un rétablissement de la voie catabolique normale de ces lipoprotéines conduisant à un effet hypocholestérolémiant.

L'essentiel de la question

La synthèse du cholestérol est énergiquement coûteuse et l'excès de cholestérol dans le sang est à l'origine de dépôts de cholestérol dans la paroi des artères, d'où la nécessité d'une régulation de la cholestérolémie. Cette régulation existe sous deux formes :

- à court terme dans le foie, la vitesse de synthèse du cholestérol est fonction de l'activité de l'HMG-CoA réductase ;
- la phosphorylation, catalysée par l'HMG-CoA réductase kinase, inactive l'enzyme, la déphosphorylation catalysée par une phosphatase active l'enzyme ;
- à long terme dans les tissus périphériques : quand la concentration cellulaire en cholestérol augmente (apportée par les LDL), elle entraîne plusieurs conséquences :
 - une diminution du taux de synthèse de l'HMG-CoA réductase, qui ralentit la synthèse du cholestérol, et des récepteurs de LDL qui diminuent la captation du cholestérol à partir du sang circulant,
 - une augmentation du taux de synthèse de l'acétyl-CoA cholestérol acyltransférase, ce qui accélère l'estérification du cholestérol et donc son stockage.

Pour en savoir plus

- Lambert G., Sinal C. J. *Régulation du métabolisme du cholestérol et des acides biliaires par les récepteurs nucléaires LXR et FXR*. Paris, Flammarion Médecine-Sciences 2000, 16 : 1456-8.
- Brown M. S., Goldstein J.-L. The SREBP pathway regulation of cholesterol metabolism by proteolysis of a membrane-bound transcription factor. *Cell* 1997 ; 89 : 331-40.

Bases fondamentales des cinétiques enzymatiques

D. BIOU

Laboratoire de biochimie générale, Faculté de pharmacie, Paris-XI.

Laboratoire de biochimie-hormonologie, Hôpital Robert Debré, AP-HP
Paris.

I. Étude d'un modèle simple : en conditions de vitesse initiale

- A. Formalisation mathématique
- B. Mesure de la vitesse initiale
- C. Expressions graphiques de l'équation d'Henri-Michaelis-Menten

II. Étude de cinétiques réversibles : effet du produit sur la vitesse

- A. Modèle plus réaliste à deux complexes centraux
- B. Interactions protéine ligand : relation de Scatchard

III. Effecteurs de l'activité enzymatique

- A. Inhibitions rapidement réversibles simples
- B. Inhibiteurs réversibles à interaction lente et/ou haute affinité
- C. Inhibition irréversible

La fonction biologique d'une enzyme, désignée aussi par le terme « activité enzymatique » (AE), est de catalyser une réaction chimique spécifique. Comme pour toute catalyse, la réaction chimique est accélérée dans les deux sens d'un même facteur ($\# 10^6$ à 10^{11}), puisque la constante d'équilibre K_{eq} demeure inchangée. Dans certaines conditions bien définies, dites « conditions conventionnelles », le travail de catalyse effectué par l'enzyme est en relation directe avec la concentration en travailleurs, c'est-à-dire en molécules d'enzyme (E)_t. En cinétique enzymatique, ce travail est mesuré par la vitesse initiale v_0 de la réaction catalysée, reliée à la concentration en travailleurs par la relation $v_0 = K \cdot (E)_t$. Dans d'autres circonstances, également bien définies, la vitesse initiale est proportionnelle à la concentration en substrat de sorte que $v_0 = K' \cdot (S)_0$. On constate ainsi que les applications biomédicales de la cinétique enzymatique en conditions de vitesse initiale peuvent être multiples : mesure de (E)_t ou de (S)₀. Le pharmacien biologiste ou industriel est aussi concerné par les applications de l'enzymologie à la conception de médicaments comme inhibiteurs d'enzyme. Ce chapitre vise à définir les concepts de base indispensables pour comprendre toutes ces applications. En ce sens, il apparaît indispensable à la bonne compréhension des chapitres consacrés à la mesure d'une activité enzymatique et aux réactifs enzymatiques.

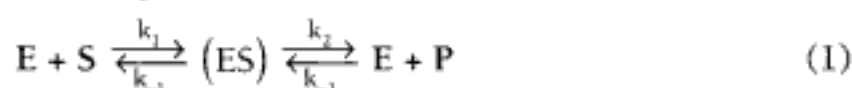
I. Étude d'un modèle simple : en conditions de vitesse initiale

A. Formalisation mathématique

1. Modèle simplifié d'Henri (1903), Michaelis et Menten (1913)

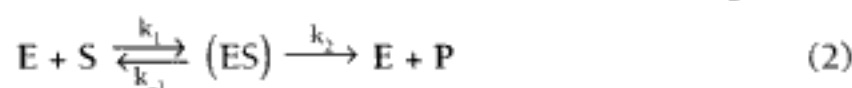
L'équation d'Henri-Michaelis-Menten (HMM) est démontrée à partir d'un modèle enzymatique simplifié et des hypothèses suivantes :

- **Hypothèse 1 : réaction réversible** avec un seul substrat S, un seul produit P et un seul complexe intermédiaire enzyme-substrat ES.



NB : en réalité, la plupart des enzymes réagissent avec plusieurs substrats ou produits pour former plusieurs composés intermédiaires ES... EP...

- **Hypothèse 2 : conditions de vitesse initiale.** Si on se place au temps $t = 0$ dans le sens aller – conditions de vitesse initiale aller, en pratique et par approximation, on considère que le substrat consommé $\Delta(S)$ doit être inférieur à 5 % de $(S)_0$ –, seuls E et S sont en présence. On peut donc négliger (P) et la réaction retour $k_{-2}(E)(P)$.



2. Démonstration type à partir de ces hypothèses (et généralisable à des systèmes plus complexes)

- La *démarche* est la suivante :
- écrire la réaction globale reliant S à P (avec les complexes enzymatiques intermédiaires et éventuellement ceux avec d'autres ligands : autres substrats, inhibiteurs, activateurs, etc.) ;
- écrire l'équation de conservation : $(E)_t = (E) + (ES) + \dots$;
- écrire l'équation de formation du produit : $v_0 = k_2 (ES) + \dots$;
- diviser v_0 par $(E)_t$ et exprimer la concentration de chaque complexe enzymatique intermédiaire en fonction de (E) libre et de la constante de dissociation du complexe, e.g., $(ES) = (E)(S)/K_d$, etc.

On obtient dans notre cas simple :

$$\frac{v_0}{(E)_t} = \frac{k_2(ES)}{(E) + (ES)} = \frac{k_2(E) \frac{(S)}{K_d}}{(E) \left[1 + \frac{(S)}{K_d} \right]} = k_2 \frac{(S)}{K_d + (S)}$$

On en déduit :

$$\frac{v_0}{V_{\max}} = \frac{(ES)}{(E)_t} = \frac{(S)}{K_d + (S)} = \overline{Y}_S \quad (6)$$

\overline{Y}_S = fonction de saturation de l'enzyme comprise entre 0 et 1 = rapport des espèces enzymatiques libérant du produit sur la somme des espèces enzymatiques.

3. Modèle plus réaliste de l'état stationnaire \Rightarrow Km (Briggs et Haldane, 1925)

Ce modèle, plus général que le précédent dit de l'« équilibre rapide », ne présuppose pas que $k_2 \ll k_{-1}$. Si, par exemple, k_2 n'est plus négligeable devant k_{-1} , le véritable équilibre n'est jamais atteint. Après la réaction (fig. 1) et après une phase *préstationnaire* très courte (quelques msec), la concentration de ES atteint une valeur pratiquement constante correspondant à un équilibre dynamique entre vitesses de formation et de disparition. Cet équilibre dynamique dénommé « état stationnaire » se maintiendra pendant un temps d'autant plus long que $(S)_0$ est plus grand.

La démarche pour obtenir l'équation de la vitesse $v_0 = k_2 (ES)$ est la même que pour l'équilibre rapide. Cependant, ici, la concentration de ES ne peut plus être obtenue à partir de K_d mais à partir de l'égalité des vitesses de formation et de disparition de ES. L'expression de v_0 conserve la même forme mais K_d est remplacé par une expression plus complexe des constantes de vitesse : la constante dite « de Michaelis » (ou K_M), assimilable à une pseudo constante de dissociation qui regroupe les dissociations de ES en substrat et en produit.

$$v_{\text{formationES}} = v_{\text{disparitionES}} \Rightarrow k_1(E)(S) = (k_{-1} + k_2)(ES)$$

On en déduit :

$$(ES) = \frac{k_1}{(k_{-1} + k_2)} (E)(S) = \frac{(E)(S)}{K_M} \text{ avec } K_M = \frac{k_{-1} + k_2}{k_1} = \frac{k_{-1}}{k_1} + \frac{k_2}{k_1} = K_d + \frac{k_2}{k_1}$$

et
$$\frac{v_0}{V_{\max}} = \frac{(ES)}{(E)_t} = \frac{(S)}{K_M + (S)} \quad (7)$$

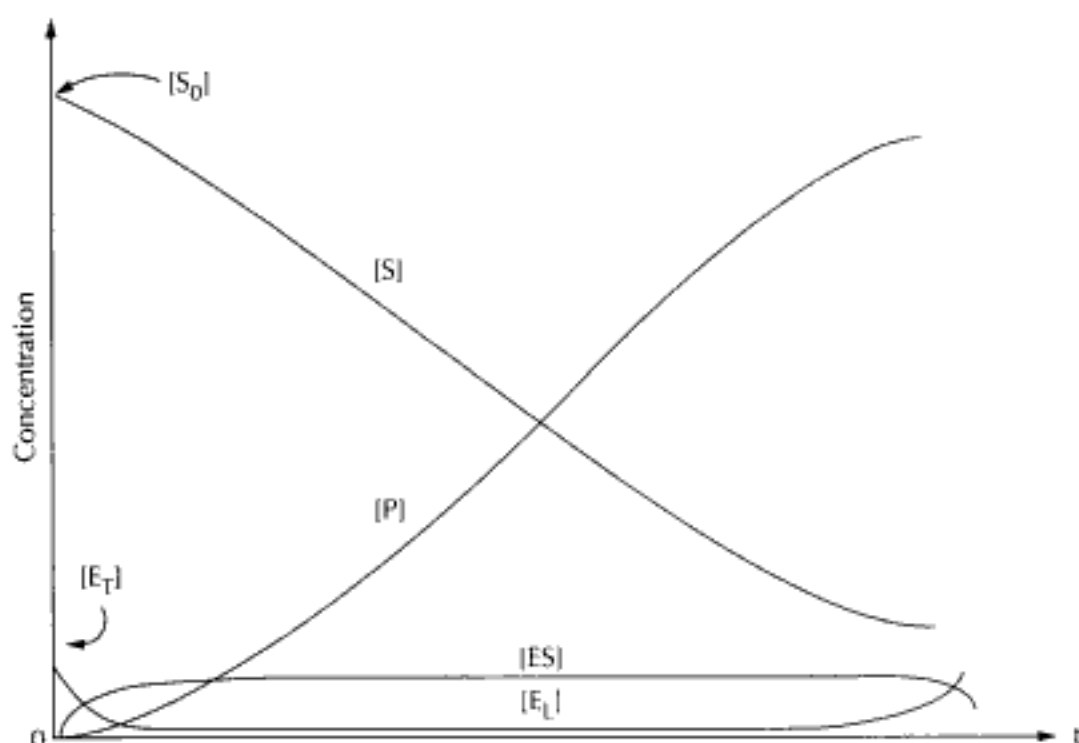


Figure 1. Cinétique des différents partenaires de la réaction enzymatique. Au temps $t = 0$ seuls E et S sont en présence. La durée de l'état stationnaire, $\frac{d(ES)}{dt} \approx 0$ augmente avec $(S)_0$.

a) Considérations sur le K_M

K_M a les dimensions d'une concentration. L'expression de K_M en fonction des constantes de vitesse est en réalité plus complexe que dans le cas très schématisé d'une réaction à un seul substrat avec un seul complexe ES car, le plus souvent, plusieurs complexes intermédiaires et plusieurs substrats participent à la réaction, mais cela ne change pas la signification globale du K_M :

- K_M est \geq à la constante de dissociation K_d . On constate logiquement que $K_M = K_d$ lorsque $k_2 \ll k_{-1}$, c'est-à-dire lorsque l'étape catalytique est lente devant l'étape de dissociation de ES en E et S (cas de l'équilibre rapide, voir « Hypothèse 3 ») ;
- K_M est le plus souvent compris entre 10^{-1} et 10^{-8} M ;
- K_M donne la concentration en substrat permettant une demi-saturation de l'enzyme. Lorsque (S) est exprimée en nombre de K_M , i.e., $(S) = a K_M$, la fonction de saturation prend la forme simple :

$$\overline{Y}_S = \frac{v_0}{V_{\max}} = \frac{(ES)}{(E)_t} = \frac{a}{a + 1} ;$$

La cinétique $[P] = f(t)$ peut présenter une zone pseudo linéaire plus ou moins prolongée (fig. 2) entre $t = 0$ et $t = (0 + \Delta t)$. Cette zone correspond aux conditions de vitesse initiale puisque les pentes à l'origine et celle de la droite sont confondues. Par approximation, on considère que l'on reste en condition de vitesse initiale pour une consommation en substrat $\Delta(S) \leq 5\%$.

Au plan pratique, c'est seulement dans cette zone que l'on pourra mesurer v_0 et que les équations 6 et 7 s'appliqueront. Considérant ces équations, on constate qu'une vitesse initiale augmente directement avec la concentration en enzyme et de façon hyperbolique avec la concentration en substrat. Il en va différemment pour l'intervalle de temps Δt (correspondant à la zone de linéarité de la figure 2) utilisable pour mesurer cette vitesse initiale.

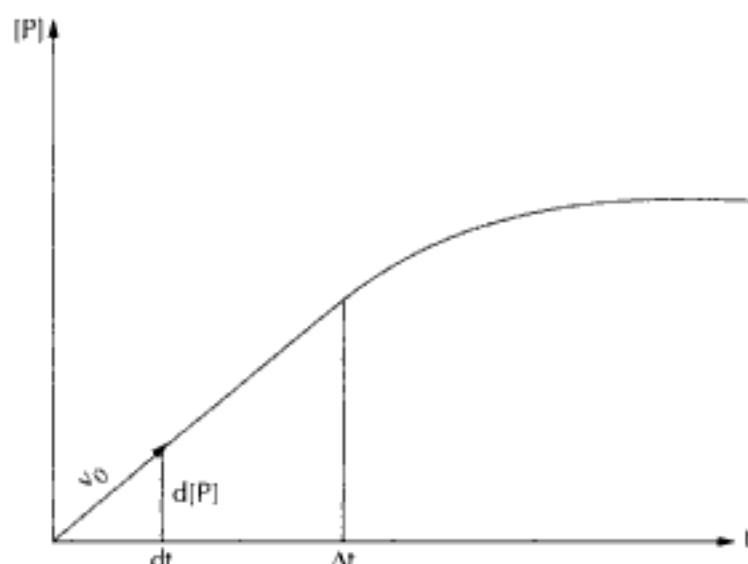


Figure 2. Cinétique d'apparition du produit : les conditions de vitesse initiale correspondent à l'intervalle Δt

Deux cas sont à considérer

■ $v_0 = f(E)_t$

Dans le milieu réactionnel, tous les paramètres physico-chimiques de la réaction enzymatique sont définis (*conditions conventionnelles*), sauf la concentration en enzyme $(E)_t$ que l'on souhaite connaître et qui devient la variable. En prenant l'exemple de l'équation 7, nous avons :

$$V_0 = K.(E)t \quad (8)$$

avec
$$K = k_{cat} \frac{(S)_{(0)}}{K_M + (S)_0} = \text{cte},$$

puisque la concentration en substrat $(S)_0$ introduite au temps $t = 0$, est fixée.

On constate (fig. 3) que la vitesse initiale augmente linéairement avec $(E)_t$. Il en résulte une diminution du temps Δt de linéarité car une même concentration en substrat (S) introduite à $t = 0$ est consommée plus rapidement par une concentration d'enzymes plus élevée.

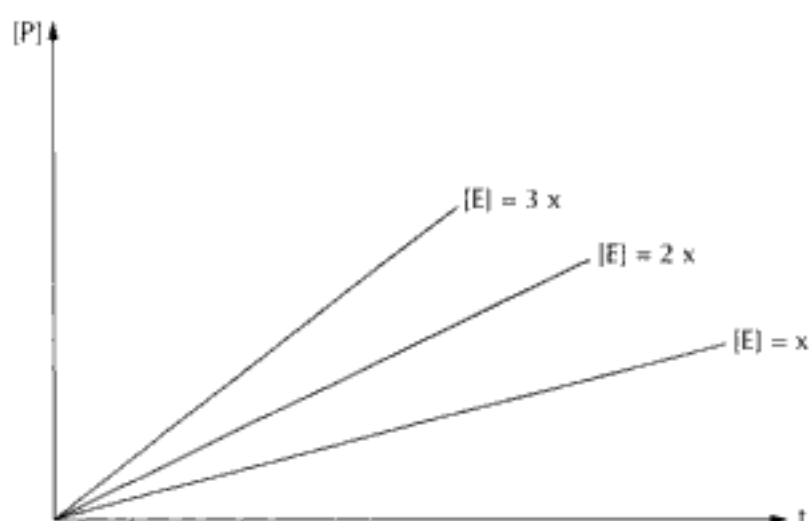


Figure 3. Cinétique d'apparition du produit : $(S)_0$ définie, $(E)_t$ variable

Application de l'équation 8 en biologie clinique et en recherche : mesure indirecte de la concentration d'une enzyme¹

Dans les conditions conventionnelles définies ci-dessus, l'application de l'équation 8 permet théoriquement de calculer $(E)_t$ connaissant v_0 . En pratique, l'absence d'étalon pour les enzymes interdit cette démarche et $(E)_t$ est exprimée indirectement par la valeur de v_0 après transformation en *unités arbitraires* reflétant le travail effectué par l'enzyme dans le milieu réactionnel. Deux types d'unités sont proposées :

- l'unité *U* correspond à une quantité d'enzymes qui, en conditions conventionnelles bien définies, consomme par minute 1 μ mole de substrat ou produit 1 μ mole de produit ;
- le *katal* *Kat* correspond à une quantité d'enzymes qui, en conditions conventionnelles bien définies, consomme par seconde 1 mole de substrat ou produit 1 mole de produit.

Ces unités arbitraires permettent l'expression indirecte de la concentration d'une enzyme dans un milieu biologique ou au cours d'une purification. Bien entendu, deux concentrations enzymatiques exprimées par ces unités ne peuvent être comparées que si elles ont été mesurées dans les mêmes conditions conventionnelles.

Exemples :

- premier cas : un laboratoire *X* mesure la concentration en LDH d'un sérum *A* en choisissant pour les conditions conventionnelles une demi-saturation de l'enzyme $(S) = 1 \text{ Km}$. La vitesse v_0 mesurée est de 300 $\mu\text{mol/L.min}$. Cette vitesse qui, dans le cas présent, exprime un travail effectué dans un volume de 1 L, est le reflet du nombre de travailleurs, i.e., molécules d'enzyme, présents dans ce litre. Si l'on quantifie ce travail en unités *U*, on obtient une concentration enzymatique de 300 *U/L* ;
- deuxième cas : la v_0 mesurée par ce même laboratoire sur un sérum *B* dans les mêmes conditions conventionnelles est de 600 $\mu\text{mol/L.min}$. On en déduit fort

1. On utilise couramment le terme trop général d'« activité enzymatique » qu'il vaudrait mieux remplacer par celui, plus précis, de « concentration catalytique ».

NB : considérant les points « $v_0 = f(E)_t$ » et « $v_0 = f(S)_0$ » ci-dessus, pour optimiser la mesure d'une concentration catalytique il faut travailler en conditions conventionnelles telles que $v_0 = K.(E)_t$ et avec le facteur K le plus élevé possible. Il en résulte un signal mesuré plus élevé, un Δt pour le respect des conditions de v_0 plus important et donc une meilleure précision pour l'ensemble de la mesure.

Le facteur $K = k_{cat} \frac{(S)_0}{K_M + (S)_0}$ tend vers un maximum k_{cat} lorsque $\frac{(S)_0}{K_M + (S)_0} \rightarrow 1$.

Dans ce cas, l'enzyme est saturée par le substrat : $(S)_0 \gg K_M$ (en pratique $> 10 K_M$).

C. Expressions graphiques de l'équation d'Henri-Michaelis-Menten

De nombreuses représentations graphiques ont été proposées, qui ont toutes pour finalité de mesurer K_M , V_{max} et k_{cat} . K_M est directement mesuré sur le graphe tandis que k_{cat} est calculé à partir de la mesure graphique de V_{max} connaissant $(E)_t$. Ne sont décrites ici que les quatre représentations les plus citées : la représentation hyperbolique et trois représentations linéaires.

1. Représentation directe de l'équation de HMM : $v_0 = f([S])$

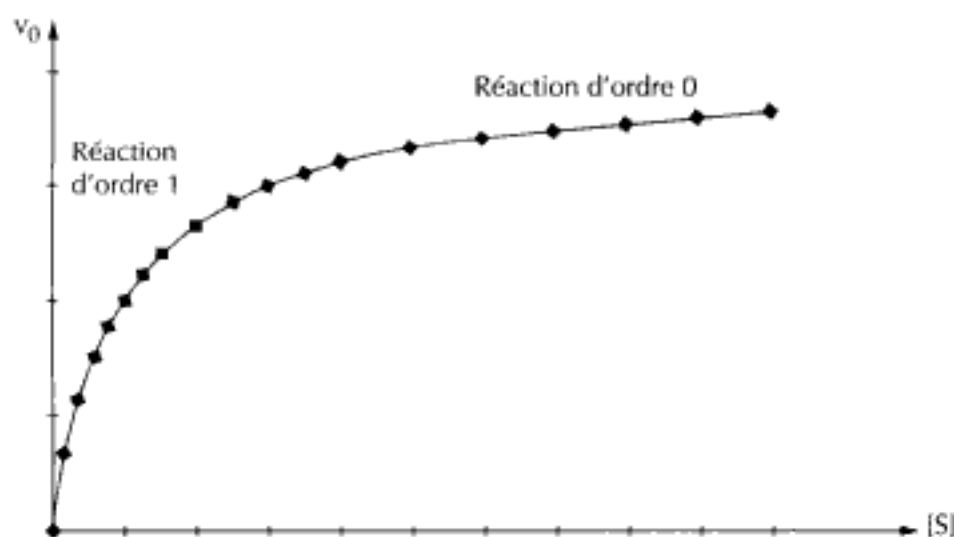


Figure 5. Équation de HMM : $v_0 = f([S])$

Pour $(E)_t$ fixée, on mesure la vitesse initiale en fonction de concentrations croissantes en substrat $(S)_0$. La courbe hyperbolique $v_0 = f(S)$ peut être décomposée en trois zones :

- Zone 1 : $(S)_0 \ll K_M$ en pratique, $(S) \leq 0,1 K_M$. L'équation de Michaelis devient :

$$v_0 = \frac{k_{cat}(E)_t}{K_M} (S) = \frac{V_{max}}{K_M} (S) = K(S). \quad (9)$$

La vitesse initiale est d'ordre 1 par rapport à (S) . Dans ces conditions, il est possible de doser un substrat par la mesure de v_0 (mesure de la concentration en substrat par cinétique enzymatique). Le coefficient K est en pratique déterminé par un étalonnage préalable.

Inversant l'équation 7 :

$$\frac{1}{v_0} = \frac{K_M + (S)}{V_{\max}(S)} = \frac{1}{V_{\max}} + \frac{K_M}{V_{\max}} \frac{1}{(S)}. \quad (11)$$

Cette représentation, la plus décrite, présente l'avantage apparent de pouvoir mesurer K_M et V_{\max} à partir d'un nombre limité de points expérimentaux et sans atteindre l'asymptote de la courbe hyperbolique. Cependant, du fait de l'inversion des variables, les erreurs sur les faibles valeurs de (S) et de v_0 sont amplifiées.

3. Représentation d'Eadie $v_0 = f[v_0/(S)]$

Multipliant les deux membres de l'équation 7 :

$$v_0[K_M + (S)] = (S)V_{\max}.$$

Puis divisant chaque membre par (S) , vient :

$$v_0 = V_{\max} - K_M \frac{v_0}{(S)}. \quad (12)$$

NB : en inversant les variables y et x , on obtient la représentation d'Eadie-Scatchard : $[v_0/(S)] = f(v_0)$.

$$\frac{v_0}{(S)} = \frac{V_{\max}}{K_M} - \frac{v_0}{K_M}. \quad (13)$$

L'équation 13 correspond au cas particulier de la relation de Scatchard appliquée aux enzymes. En effet, puisque $v_0 = k_{\text{cat}}(ES)$ et $V_{\max} = k_{\text{cat}}(E)_t$, en divisant les deux membres de l'équation 13 par k_{cat} , il vient :

$$\frac{(ES)}{(S)} = \frac{(E)_t}{K_M} - \frac{(ES)}{K_M}, \text{ relation identique à la relation de Scatchard appliquée à une protéine récepteur } R$$

de constante de dissociation K_D :

$$\frac{(RS)}{(S)} = \frac{(R)_t}{K_D} - \frac{(RS)}{K_D}. \quad (14)$$

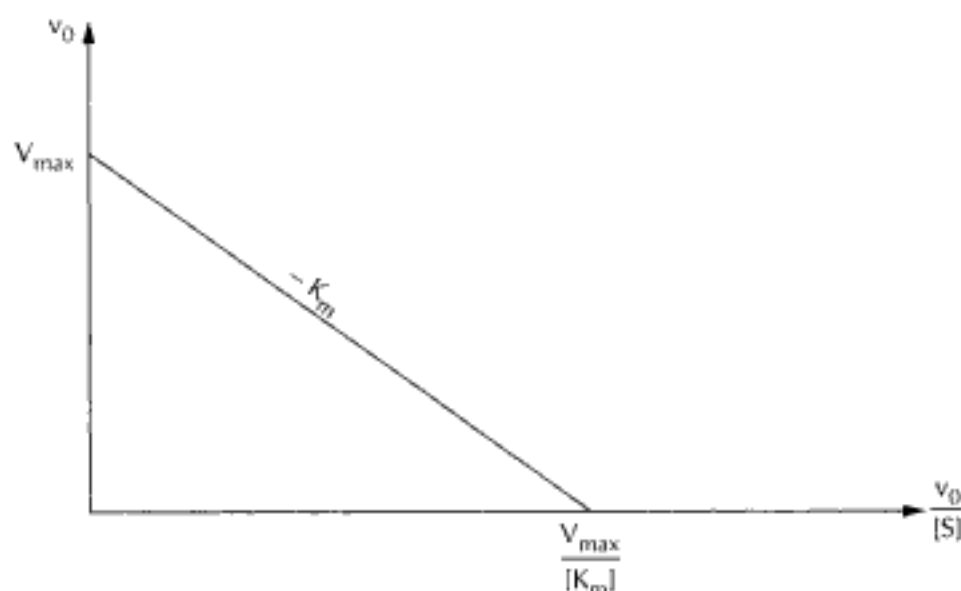


Figure 7. Équation de HMM : représentation d'Eadie

4. Représentation d'Eisenthal et Cornish-Bowden (1974)

Cette représentation est plus connue sous le nom de « représentation graphique linéaire directe ». Elle consiste à réarranger l'équation classique de HMM en l'exprimant selon le mode $V_{\max} = f(K_M)$, soit

$$V_{\max} = v_0 + \frac{v_0}{(S)} K_M. \quad (15)$$

Par exemple :

- pour l'expérience 1, nous avons un couple de valeurs v_{01} et $(S)_1$ qui permet de tracer une première droite $V_{\max} = f(K_M)$ qui a pour intersections avec l'axe des ordonnées la valeur v_{01} et avec l'axe des abscisses la valeur $-(S)_1$. Cette droite est le lieu géométrique de toutes les paires de valeurs (V_{\max}, K_M) possibles pour les valeurs expérimentales v_{01} et $(S)_1$ mesurées ;
- pour l'expérience 2, nous avons un couple de valeurs v_{02} et $(S)_2$ qui permet de tracer une deuxième droite d'intersections avec les axes : v_{02} et $-(S)_2$, etc.

Dans nos conditions opératoires, il n'y a pour chaque droite qu'une seule et même paire de valeurs (V_{\max}, K_M) possible (puisque tous les paramètres sont définis sauf la concentration en substrats). On en déduit que les différentes droites ont une intersection commune de coordonnées V_{\max} et K_M .

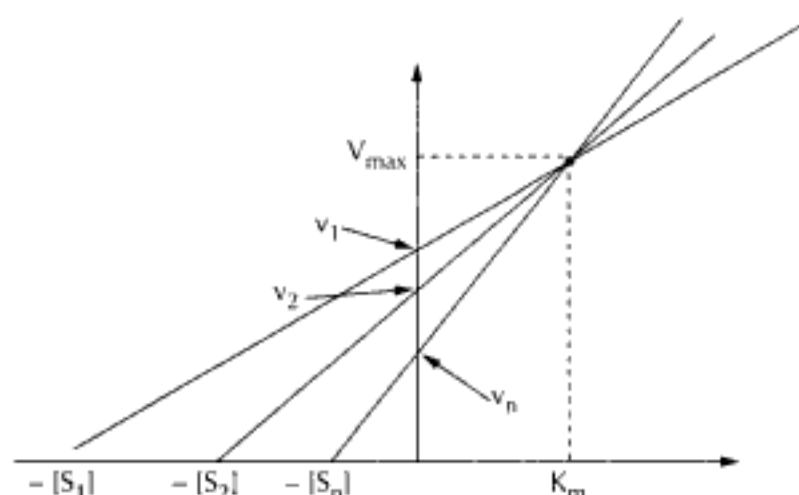
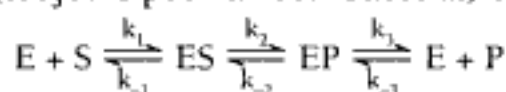


Figure 8. Équation de HMM : représentation d'Eisenthal et Cornish-Bowden

II. Étude de cinétiques réversibles : effet du produit sur la vitesse

A. Modèle plus réaliste à deux complexes centraux

Le schéma réactionnel (toujours pour un seul substrat) est le suivant :



Avec

$$(E)_t = [(E) + (ES) + (EP)]$$

1. Hypothèse de l'équilibre rapide : cas fréquent mais pas toujours vérifié

On postule d'une part que les complexes ES et EP sont en *équilibre rapide* avec leurs ligands S et P et, d'autre part, que les étapes de catalyse de ES en EP et vice-versa (k_{+2} et k_{-2} dans le schéma ci-dessus) sont les étapes limitantes :

- *in vitro*, l'AE est habituellement mesurée en conditions de v_0 et on peut écrire pour les vitesses initiales aller et retour :

$$v_{0A} = \frac{V_{\max A}(S)}{K_S + (S)} \quad \text{et} \quad v_{0R} = \frac{V_{\max R}(P)}{K_P + (P)}$$

dans le sens aller $V_{\max A} = k_2(E)_t$ $K_S = \frac{(E)(S)}{(ES)} = \frac{k_{-1}}{k_1}$

et dans le sens retour $V_{\max R} = k_{-2}(E)_t$ $K_P = \frac{(E)(P)}{(EP)} = \frac{k_3}{k_{-3}}$;

- *in vivo*, les conditions sont différentes. Nous sommes en présence d'une proportion variable de S et P. La *vitesse nette* v dans un sens (ou l'autre) ne peut être calculée par la différence ($v_{0A} - v_{0R}$) des équations ci-dessus qui supposent l'absence du « produit » ou du « substrat ». Ainsi, par exemple, pour le sens aller, la vitesse nette vers la formation du produit a pour expression :

$$v_{\text{nette}} = \frac{d(P)}{dt} = v_A - v_R \quad \text{avec} \quad v_A = k_2(ES) \quad \text{et} \quad v_R = k_{-2}(EP)$$

$$v_{\text{nette}} = k_{+2}(ES) - k_{-2}(EP). \quad (16)$$

Divisant les deux membres de l'équation 16 respectivement par $(E)_t$ et son équivalent $[(E) + (ES) + (EP)]$ et remplaçant (ES) et (EP) par leur expression en fonction de K_S et K_P , on obtient finalement pour la vitesse nette dans le sens aller :

$$v_{\text{nette}} = \frac{V_{\max A} \frac{(S)}{K_S} - V_{\max R} \frac{(P)}{K_P}}{1 + \frac{(S)}{K_S} + \frac{(P)}{K_P}}$$

qui s'écrit
$$= \frac{V_{\max A}(S)}{K_S \left[1 + \frac{(P)}{K_P} \right] + (S)} - \frac{V_{\max R}(P)}{K_P \left[1 + \frac{(S)}{K_S} \right] + (P)}. \quad (17)$$

Commentaires sur l'équation 17 : P et S, qui sont en compétition pour le même centre actif, se comportent comme des I compétitifs mutuels (voir « *Inhibition compétitive* »). Ainsi, pour la constante de dissociation apparente pour S nous avons l'expression :

$$K_{S\text{app}} = K_S \left[1 + \frac{(P)}{K_P} \right],$$

qui est de la même forme que $K_{S\text{ app}} = K_S \left[1 + \frac{(I)}{K_I} \right]$

si P se comporte comme un inhibiteur compétitif. On constate le même comportement pour la constante de dissociation apparente pour P :

$$K_{P\text{ app}} = K_P \left[1 + \frac{(S)}{K_S} \right]$$

2. Hypothèse de l'état stationnaire

Cette hypothèse est plus générale car elle ne présuppose pas que les étapes de catalyse sont systématiquement lentes par rapport aux étapes de dissociation des complexes ES ou EP. Mais le traitement mathématique, plus laborieux, ne sera pas ici abordé. Retenons simplement que la vitesse nette dans l'état stationnaire a la même expression que dans l'équation 17. Cependant, les constantes de dissociation K_S et K_P sont remplacées par les K_m correspondants. Les expressions des K_m et k_{cat} en fonction des constantes de vitesse sont aussi plus complexes. Par exemple, dans le sens aller :

$$k_{\text{catA}} = \frac{k_2 k_3}{k_2 + k_{-2} + k_3} \quad \text{et} \quad K_{mS} = \frac{k_{-1} k_3 + k_{-1} k_{-2} + k_2 k_3}{k_1 (k_2 + k_{-2} + k_3)}$$

NB : on constate que lorsque k_2 et $k_{-2} \ll$ par rapport aux autres constantes de vitesse, les K_m et k_{cat} tendent vers les expressions démontrées pour l'hypothèse de l'équilibre rapide.

3. Relation de Haldane

À l'équilibre de la réaction, la vitesse nette est égale à zéro

et
$$K_{\text{eq}} = \frac{(P)_{\text{eq}}}{(S)_{\text{eq}}} = \frac{k_1 k_2 k_3}{k_{-1} k_{-2} k_{-3}}$$

Reprenant le numérateur du premier membre de l'équation 17, nous avons l'égalité :

$$v_{\text{nette}} = V_{\text{maxA}} \frac{(S)_{\text{eq}}}{K_S} - V_{\text{maxR}} \frac{(P)_{\text{eq}}}{K_P} = 0$$

On en déduit
$$K_{\text{eq}} = \frac{(P)_{\text{eq}}}{(S)_{\text{eq}}} = \frac{V_{\text{maxA}} / K_S}{V_{\text{maxR}} / K_P} \quad \text{relation de Haldane.} \quad (18)$$

NB : dans le cadre de l'hypothèse de l'état stationnaire, on remplacera dans l'équation 18 les constantes de dissociation par les K_m correspondants.

B. Interactions protéine ligand : relation de Scatchard

1. Définitions

Beaucoup de protéines (e.g., enzyme, Ac, récepteur, transporteur, etc.) présentent la propriété de reconnaître spécifiquement un ligand selon le modèle de l'équilibre rapide. La capacité de liaison du ligand par la protéine dépendra de la constante

d'affinité $K_A (= 1/K_D)$ et du nombre n de sites de reconnaissance pour chaque molécule de protéine.

2. Approche quantitative

a) Hypothèse

Un ligand S est en équilibre avec une protéine réceptrice de concentration totale $(R)_0$ et possédant, par molécule, n récepteurs R indépendants et de même affinité pour le ligand S .



La constante de dissociation intrinsèque d'un site K_D est égale à :

$$K_D = \frac{1}{K_A} = \frac{k_{-1}}{k_1} = \frac{(R)(S)}{(RS)}.$$

La concentration totale en récepteurs $(R)_t$ est égale à n fois la concentration totale en protéine réceptrice $n(R)_0$: $(R)_t = n(R)_0$.

La concentration en récepteur lié (RS) est égale à : $(RS) = (R)_t - (R) = (S)_{lié}$.

En remplaçant dans l'expression de K_D la concentration de (R) par $(R)_t - (RS)$,

on obtient :

$$\frac{(RS)}{(S)} = \frac{(R)}{K_D} = \frac{(R)_t}{K_D} - \frac{(RS)}{K_D} = \frac{n(R)_0}{K_D} - \frac{(RS)}{K_D}. \quad (19)$$

L'équation 19 est plus connue sous le terme de « relation de Scatchard ». Elle permet (par des expériences de dialyse à l'équilibre), en faisant varier (S) et en déterminant (RS) pour chaque valeur de (S) , de tracer la droite $(RS)/(S) = f(RS)$, de pente $-1/K_D$ ou $-K_A$ et d'abscisse à l'origine $n(R)_0$. Cette représentation (fig. 9) permet donc de déterminer K_D (ou K_A) et n connaissant $(R)_0$.

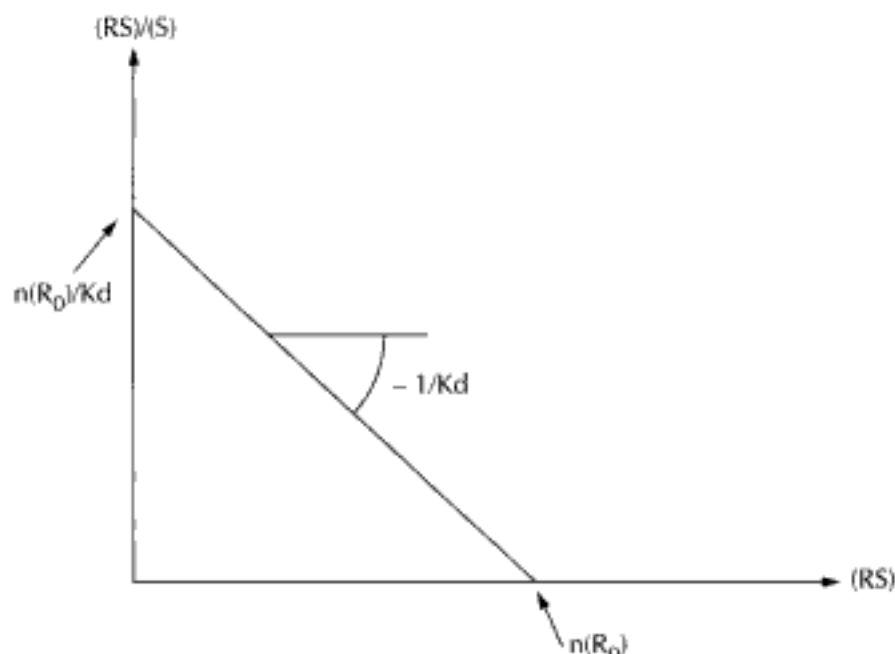


Figure 9. Représentation de Scatchard

2. Inhibition non compétitive (INC) : $\searrow k_2$ (ou k_{cat})

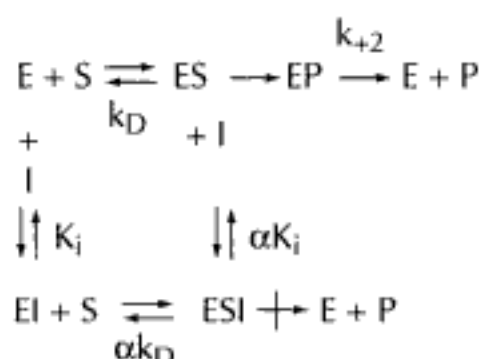
L'inhibiteur en se fixant sur son site (\neq site substrat) modifie le site catalytique de telle sorte que $0 \leq k_{2i} < k_2$:

- si $k_{2i} = 0 \Rightarrow$ INC pure ;
- si $0 < k_{2i} < k_2 \Rightarrow$ INC partielle.

Cas idéal de l'INC pure : la constante catalytique du complexe ESI est nulle : $k_{2i} = 0$. Il en résulte pour l'ensemble des complexes ES et ESI une constante catalytique k_2 apparente diminuée au prorata du rapport (ESI)/(ES).

a) Hypothèses : $K_i = \alpha K_i$ et $K_d = \alpha K_d \Rightarrow \alpha = 1$

S et I se lient réversiblement et *indépendamment* sur E sans modification mutuelle de leur constante de dissociation K_D et K_i , le complexe ESI est ici improductif (contrairement à l'INC partielle).



L'inhibition n'est pas déplacée par S puisque la fixation de I est indépendante de S.

b) Cinétique : hypothèse de l'équilibre rapide

$$\frac{v_0}{(E)_t} = \frac{k_2(ES)}{(E) + (ES) + (EI) + (ESI)}$$

avec $(ESI) = (EI)(S)/K_d = (ES)(I)/K_i = (E)(S)(I)/K_d K_i$.

$$\frac{v_0}{V_{max}} = \frac{\frac{(S)}{K_d}}{1 + \frac{(S)}{K_d} + \frac{(I)}{K_i} + \frac{(S)(I)}{K_d K_i}} = \frac{(S)}{K_d \left[1 + \frac{(I)}{K_i} \right] + (S) \left[1 + \frac{(I)}{K_i} \right]} = \frac{(S)}{\left[1 + \frac{(I)}{K_i} \right] [K_d + (S)]}$$

Par rapport à l'équation normale, les termes $(I)/K_i$ et $(S)(I)/K_d K_i$ correspondent aux contributions respectives des complexes EI et ESI. Le terme $(S)/K_d$ au numérateur indique la présence d'une seule espèce (ES), productive de P. L'équation ci-dessus peut aussi s'écrire :

$$v_0 = \frac{V_{max}(S)}{\left[1 + \frac{(I)}{K_i} \right] [K_d + (S)]} = \frac{V_{maxi}(S)}{[K_d + (S)]} \text{ avec } V_{maxi} = \frac{V_{max}}{\left[1 + \frac{(I)}{K_i} \right]} \quad (21)$$

V_{max} est diminuée d'un facteur $[1 + (I)/K_i]$ qui représente la distribution de l'inhibiteur dans la forme libre d'E et dans le complexe ES puisque $[(I)/K_i = (EI)/(E) = (ESI)/(ES)]$.

Le degré d'inhibition = $\frac{v_0 - v_i}{v_0} = 1 - \frac{K_i}{K_i + (I)} = \frac{(I)}{K_i + (I)}$ est indépendant de (S).

Une variation de (S) entraîne une variation de v_0 et v_i dans une même proportion.

c) Représentations graphiques : $v_0 = f[(S)]$ et $1/v_0 = f[1/(S)]$

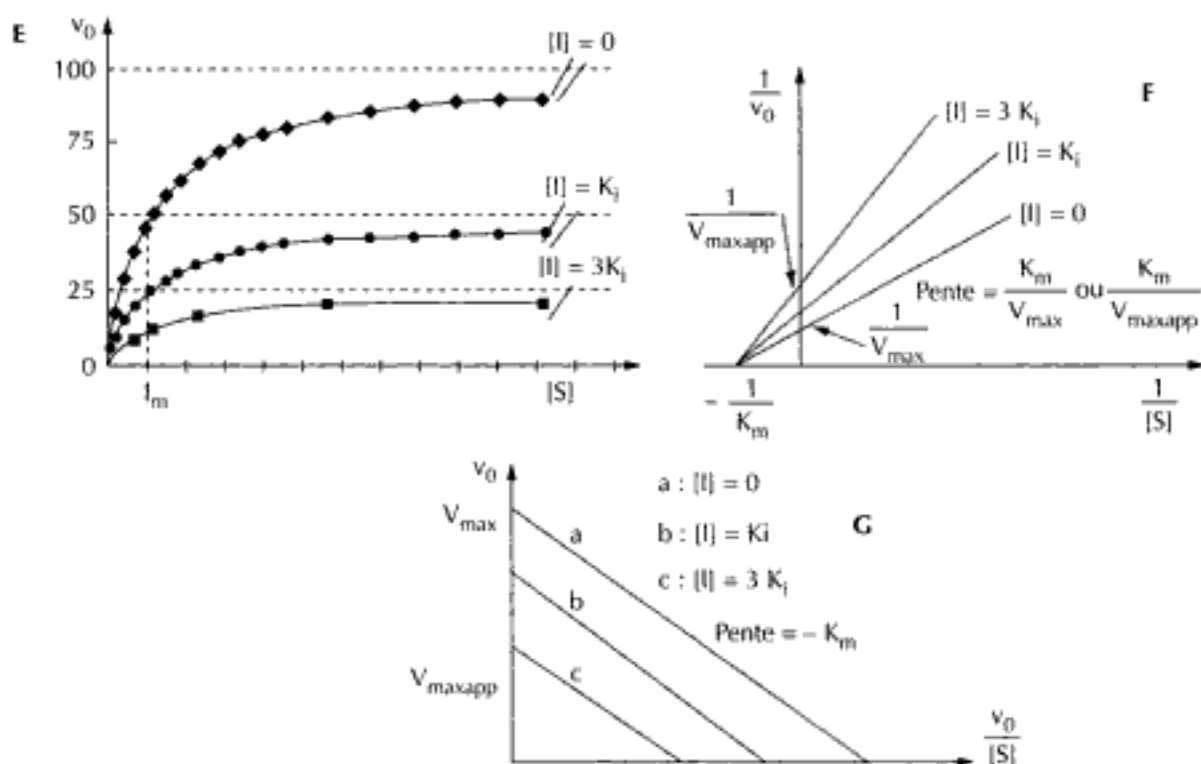
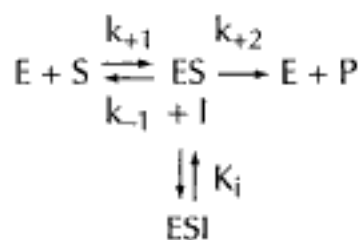


Figure 11. Inhibition non compétitive

3. Inhibition incompétitive ou anticompetitive (IAC)

a) Hypothèses

Un I incompétitif se lie réversiblement uniquement au complexe ES avec formation d'un complexe ESI non productif. Il en résulte une diminution de V_{max} et du K_d (ou K_m) d'un même facteur $[1 + (I)/K_i]$. Ce schéma (qui correspond à une addition ordonnée sur E de deux ligands) est rarement rencontré pour les E à un seul S, mais relativement fréquent pour les E multisubstrats. Contrairement à l'IC, le degré d'inhibition est augmenté par une augmentation de (S).



b) Cinétique : hypothèse de l'équilibre rapide

$$\frac{v_0}{V_{max}} = \frac{(ES)}{(E)_t} = \frac{\frac{(S)}{K_d}}{1 + \frac{(S)}{K_d} + \frac{(S)(I)}{K_d K_i}} = \frac{(S)}{K_d + (S) \left[1 + \frac{(I)}{K_i} \right]}$$

L'équation ci-dessus peut aussi s'écrire :

$$v_0 = \frac{V_{\max}(S)}{[K_{di} + (S)]} \text{ avec } V_{\max} = \frac{V_{\max}}{1 + \frac{(I)}{K_i}} \text{ et } K_{di} = \frac{K_d}{1 + \frac{(I)}{K_i}}. \quad (22)$$

V_{\max} et K_{di} sont divisés par le même facteur : $[1 + (I)/K_i]$.

$$\text{Le degré d'inhibition} = \frac{v_0 - v_i}{v_0} = \frac{(I)}{(I) + K_i(1 + \frac{K_d}{(S)})}$$

est d'autant plus élevé que (I) et (S) sont plus grands.

c) Représentations graphiques

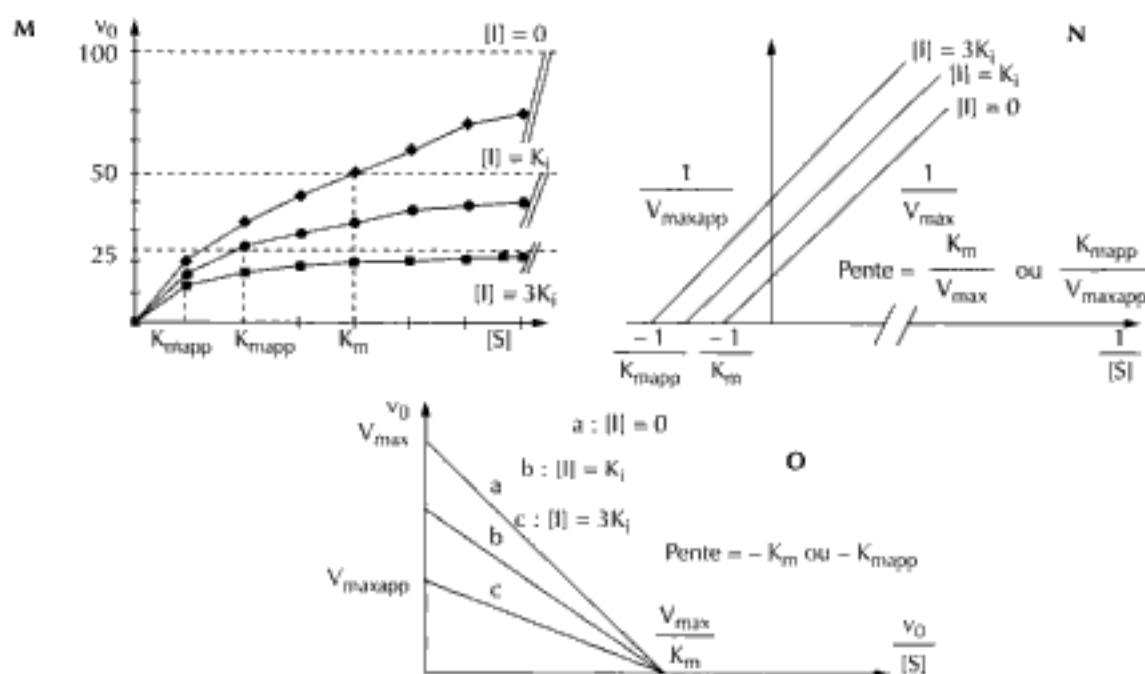


Figure 12. Inhibition anticompetitive

B. Inhibiteurs réversibles à interaction lente et/ou haute affinité

1. Inhibiteurs réversibles à haute affinité : tight binding inhibitors (TBI)

- Dans ce modèle, l'équilibre est très rapidement atteint. La constante de vitesse d'association k_{on} du complexe EI est augmentée tandis que la constante de vitesse de dissociation k_{off} est normale ou diminuée. Il en résulte un K_i très faible ($< 10^{-9}$ M). En général, pour les études cinétiques, on utilise des concentrations d'inhibiteur de l'ordre du K_i . Ainsi, lorsque K_i est très faible, $(I)_0$ est très faible, de l'ordre de grandeur de $(E)_i$ et $(I) = (I)_0 - (EI)$ n'est plus assimilable à $(I)_0$.
- Exemple d'inhibiteur à forte affinité : le méthotrexate analogue du dihydrofolate (FH2) est IC de la dihydrofolate réductase (DHFR) avec un $K_i = 6.10^{-11}$ M et une demi-vie de plusieurs heures.

2. Inhibiteurs réversibles à interaction lente : slow binding inhibitors (SBI)

Dans ces modèles, les formation et dissociation du complexe EI sont relativement lentes et l'état stationnaire n'est atteint qu'au bout de plusieurs secondes, minutes ou heures, au lieu de fractions de secondes pour les I rapidement réversibles. Les constantes de vitesse k_{on} et k_{off} sont diminuées et, selon la valeur de leur rapport, K_i sera normal (SBI) ou très faible (*slow and tight binding inhibitors* : STBI).

- SBI : k_{on} et k_{off} sont diminués dans des rapports voisins et K_i est normal ($\approx 10^{-6}$ M). Le complexe EI se forme lentement, mais se dissocie aussi lentement.
- STBI : k_{off} est plus diminuée que k_{on} , et donc K_i est très faible $< 10^{-9}$ M. Le complexe EI se forme lentement mais se dissocie encore plus lentement.

C. Inhibition irréversible

Alors que pour les I réversibles K_i est le meilleur indice d'efficacité de l'inhibition, pour les I irréversibles on utilise plutôt la constante d'inactivation k_{inac} et parfois K_i . Ces inhibiteurs irréversibles se caractérisent par :

- une réaction stoechiométrique de I avec E ;
- une protection partielle par S ;
- une cinétique de pseudo ordre 1 pour la perte d'activité ;
- E demeure inactive après élimination d'I (par dialyse).

Les inhibiteurs irréversibles sont classés selon leur mode d'action en deux catégories principales.

1. Inhibiteurs réagissant d'emblée avec le site substrat : marqueur d'affinité (active site directed irreversible inhibitors)

Ce sont des analogues de substrat possédant une fonction réactive susceptible de réagir avec une fonction nucléophile du site de fixation de S.

Ces inhibiteurs sont assez peu intéressants comme médicaments car :

- leur affinité est souvent faible \Rightarrow doses élevées pour obtenir un effet thérapeutique ;
- du fait de leur réactivité intrinsèque, des réactions et donc des effets secondaires imprévisibles sont possibles avec d'autres protéines \Rightarrow toxicité.

2. Inhibiteurs réagissant avec le site catalytique : substrat « suicides », « mechanism based inhibitors »

a) Définition

Ce sont des analogues de substrat sans fonction réactive d'emblée. Après l'étape de liaison à l'enzyme, ils sont transformés par les propriétés catalytiques de l'enzyme (étape k_{cat}) avec création *de novo* d'une fonction réactive qui va ensuite permettre la liaison covalente de I sur une fonction nucléophile du centre actif de l'enzyme.

Avantages et inconvénients :

- ces I suicides connaissent un grand succès comme médicament car ils sont très sélectifs (par les étapes de fixation et de catalyse) et donnent donc peu d'effets secondaires ;

- mais l'espèce réactive EI^* est susceptible d'être libérée prématurément du centre actif avant formation de la liaison covalente avec E.

b) Cinétique



L'inactivation de E suit une cinétique de pseudo ordre 1.

$$v = \frac{d(E-I)}{dt} = k_{\text{inac}}(EI) \quad \text{avec} \quad (EI) = (E)_t - (E-I) - (E) = (E)_t - (E-I) - K_i \frac{(EI)}{(I)}$$

$$(EI) = \frac{(E)_t - (E-I)}{\left[1 + \frac{K_i}{(I)}\right]} \Rightarrow v = \frac{d(E-I)}{dt} = k_{\text{inac}} \frac{(E)_t - (E-I)}{\left[1 + \frac{K_i}{(I)}\right]} \quad \text{que l'on peut écrire :}$$

$$\frac{d(E-I)}{(E)_t - (E-I)} = k_{\text{obs}} dt \quad \text{avec} \quad k_{\text{obs}} = \frac{k_{\text{inac}}}{\left[1 + \frac{K_i}{(I)}\right]} \quad \text{et} \quad \frac{1}{k_{\text{obs}}} = \frac{1}{k_{\text{inac}}} + \frac{K_i}{k_{\text{inac}}} \frac{1}{(I)}$$

On constate que $k_{\text{obs}} \rightarrow 0$ quand $(I) \rightarrow 0$ et que $k_{\text{obs}} \rightarrow k_{\text{inac}}$ quand $(I) \rightarrow \infty$.

Après intégration :

$$\ln \frac{(E)_t - (E-I)}{(E)_t} = -k_{\text{obs}} t = \ln \frac{A}{A_0}. \quad (23)$$

A étant l'activité enzymatique résiduelle que l'on peut exprimer en pourcentage de l'activité enzymatique totale A_0 .

c) Représentation

- les concentrations de E, S et I à $t = 0$ sont définies : le logarithme de l'inactivation de E par I en fonction du temps suit une décroissance linéaire de pente $-k_{\text{obs}}$ ou $-k_{\text{obs}}/2,3$ en fonction du choix du logarithme.
- pour une concentration en E et S fixée : lorsque (I) augmente, on obtient une famille de droites, de pentes k_{obs} croissantes et tendant vers un maximum k_{inac} . la représentation secondaire de $1/k_{\text{obs}} = f[1/(I)]$ permet de calculer k_{inac} et K_i .

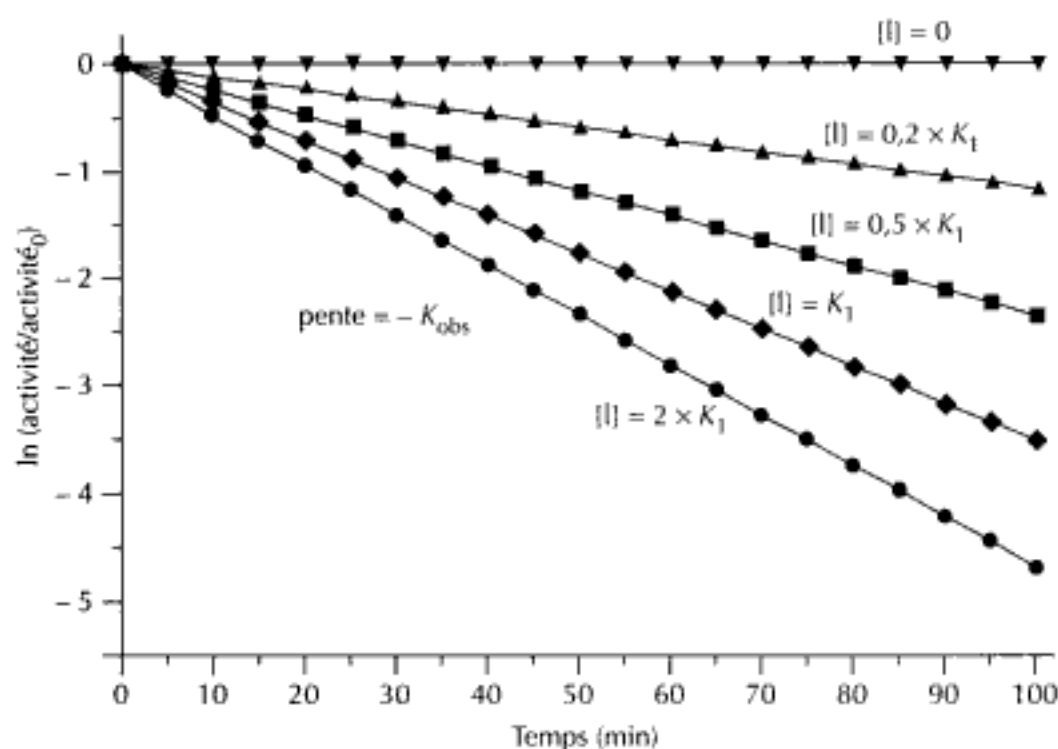
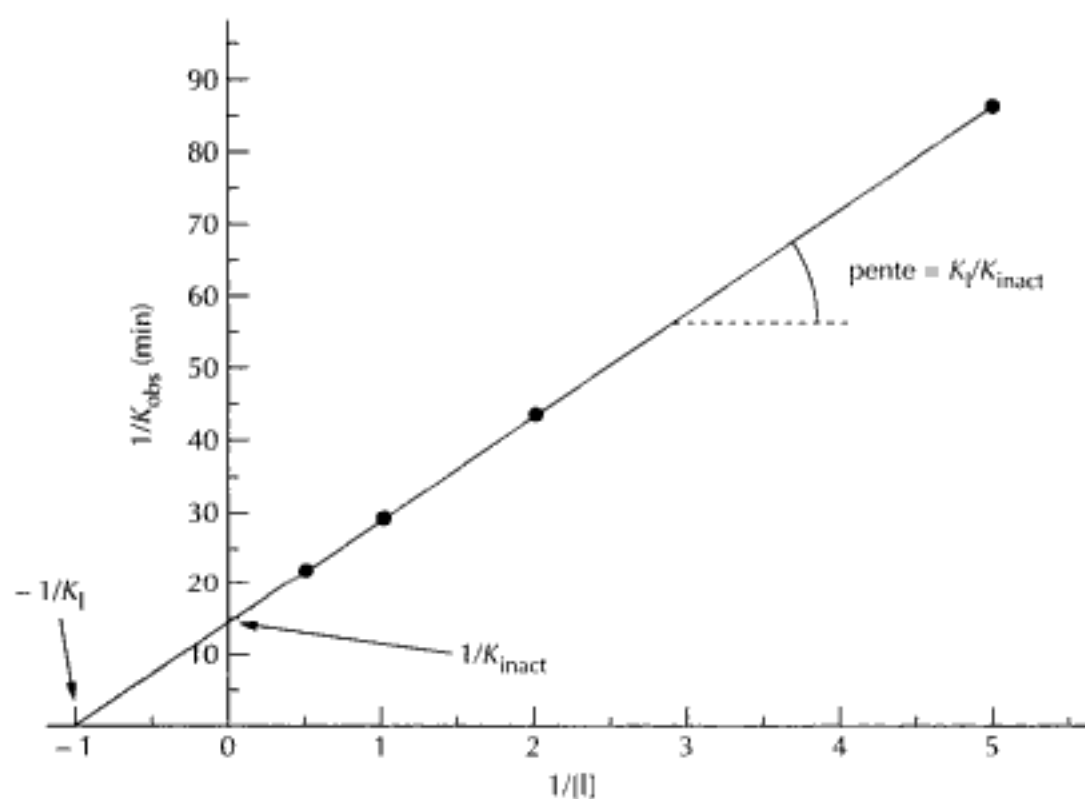


Figure 13. Inhibition irréversible, cinétique d'inactivation

Figure 14. Représentation secondaire de l'inverse de la pente $1/k_{\text{obs}} = f [1/[I]]$

L'essentiel de la question

Les enzymes sont des protéines dont la fonction biologique est la catalyse des réactions du métabolisme du vivant. L'activité catalytique de l'enzyme ou « **activité enzymatique** » est le plus souvent mesurée par la **vitesse initiale** ou v_0 de la réaction catalysée, i.e., absence du produit de la réaction. Pour le pharmacien biologiste les applications de la mesure de v_0 sont triples :

- mesure indirecte en conditions conventionnelles [$v_0 = K \cdot (E)_i$] de la concentration d'une enzyme $(E)_i$. Cette concentration est exprimée en unités arbitraires, l'**Unité** ou le **katal**, exprimant le travail de catalyse réalisé par l'enzyme.
- mesure en conditions conventionnelles [$v_0 = K' \cdot (S)_0$] d'une concentration en substrat.
- mesure de l'efficacité et du mode d'action d'un médicament inhibiteur d'enzyme.

La première partie de cette question étudie la réaction enzymatique dans des conditions de vitesse initiale, i.e., irréversibles, sur un modèle simplifié à un seul substrat et en déduit la relation fondamentale de Henri et Michaelis-Menten (HMM). Cette relation conditionne les trois applications ci-dessus. Quatre représentations graphiques de l'équation de HMM sont proposées : une représentation hyperbolique et 3 représentations linéaires. Elles permettent de mesurer K_M et V_{max} mais aussi de déterminer pour les inhibiteurs rapidement réversibles le mode d'action de l'inhibiteur.

La deuxième partie étudie la réaction enzymatique dans des conditions de réversibilité et toujours sur le même modèle simplifié à un substrat. Ces conditions sont plus représentatives des nombreuses réactions enzymatiques *in vivo* que les conditions de vitesse initiale que l'on observe plutôt *in vitro*. L'équation de la vitesse nette de la réaction démontre que le substrat et le produit se comportent comme des inhibiteurs compétitifs mutuels. À l'équilibre la vitesse nette de la réaction étant nulle, on en déduit une expression de la constante d'équilibre qui est égale au rapport des rapports (V_{max}/K_M) de la réaction dans les sens aller et retour (relation de Haldane). D'une façon plus générale, l'étude de la liaison entre une protéine et son ligand spécifique à l'équilibre aboutit à la relation de Scatchard qui permet, par une représentation graphique, la mesure d'une part des constantes de dissociation (ou d'affinité) de la protéine pour son ligand et d'autre part du nombre n de sites de liaison par molécule de protéine. En particulier pour les enzymes cette relation s'applique à tout équilibre avec un effecteur spécifique, e.g., substrat, activateur, inhibiteur.

La troisième partie aborde l'inhibition de la réaction enzymatique.

- Les trois modèles classiques d'inhibitions rapidement réversibles (inhibitions compétitives, non compétitives et anti-compétitives) sont détaillés. D'autres modèles d'inhibition rapidement réversible, un peu plus complexes mais peut-être plus fidèles à la réalité (inhibitions partielles et mixtes), ne sont pas abordés car non traités dans le cursus universitaire de base.
- En revanche d'autres types d'inhibitions, bien que ne sont pas traités dans le cursus de base, sont ici présentés et partiellement développés car ils sont à la base de la conception de nombreux médicaments récents plus performants dans leur demi-vie et dans leur spécificité. Ce sont les inhibiteurs réversibles à haute affinité et/ou à interaction lente et les inhibiteurs irréversibles du type « inhibiteurs suicides ».



Physiologie

Hidden page



Physiologie rénale

F. SCHMITT, Laboratoire de biologie, Centre hospitalier de Bretagne Sud, Lorient.

I. Organisation du rein

- A. Structure du néphron
- B. Topographie du néphron et vascularisation

II. Vascularisation rénale et filtration glomérulaire

- A. Notion de clairance
- B. Filtration glomérulaire
- C. Circulation rénale

III. Fonctions tubulaires

- A. Tube proximal
- B. Anse de Henlé
- C. Tube distal
- D. Tube collecteur

IV. Rein et équilibre acido-basique

- A. Réabsorption des bicarbonates
- B. Régénération des bicarbonates par excrétion de l'acidité titrable
- C. Régénération des bicarbonates par excrétion d'ions ammonium

V. Fonctions endocrines du rein

- A. Système rénine-angiotensine
- B. Érythropoïétine
- C. Vitamine D
- D. Autres

VI. Hormones et fonctions rénales

- A. Système rénine-angiotensine
- B. Aldostérone
- C. Hormone antidiurétique (ADH) ou arginine vasopressine (AVP)
- D. Facteur atrial natriurétique (ANF) ou peptide atrial natriurétique (ANP)
- E. Hormone parathyroïdienne (PTH)

L'homéostasie du milieu intérieur est en majeure partie assurée par le rein en raison de sa remarquable structure. En effet, grâce à la disposition particulière et au fonctionnement intégré des unités fonctionnelles élémentaires le composant, les néphrons, il participe à la régulation du volume et de la composition des liquides corporels en contrôlant l'excrétion d'eau, d'électrolytes et d'ions H^+ , et en assurant l'élimination de certains déchets du métabolisme azoté comme l'urée et l'acide urique. Le rein est également la cible de nombreux médiateurs hormonaux. En outre, il possède une véritable fonction endocrine puisqu'il synthétise des facteurs hormonaux agissant sur lui-même ou sur des organes cibles. Par cette fonction endocrine, le rein participe à la régulation de la pression artérielle (système rénine-angiotensine-aldostérone), du métabolisme phosphocalcique (hydroxylation du 25 hydroxycholecalciférol), de l'érythropoïèse (synthèse de l'érythropoïétine), de la vasomotricité (synthèse de médiateurs vasoactifs : prostaglandines, bradykinine).

I. Organisation du rein

Une meilleure compréhension de la physiologie rénale va de pair avec une meilleure connaissance de la structure anatomique du rein. Les reins, situés dans la partie supérieure de la fosse lombaire, ont la forme d'un haricot, comportant un bord externe convexe et un bord interne concave marqué par le hile rénal. Le poids d'un rein chez l'homme adulte est de 150 g environ. Entouré d'une capsule fibreuse lisse, le parenchyme est formé de deux régions macroscopiquement distinctes : le cortex, en périphérie, et la médullaire, au centre. La médullaire elle-même est divisée en deux régions, une région externe faisant suite au cortex et une région interne. Le rein humain est composé d'environ un million d'unités fonctionnelles excrétrices, ou néphrons, indépendantes les unes des autres, contenues dans un tissu interstitiel de soutien où se trouvent également les vaisseaux et les nerfs intrarénaux. La disposition des néphrons et des vaisseaux explique la conformation du rein, les domaines d'échanges entre la circulation plasmatique et la circulation urinaire intrarénales, ainsi que certaines fonctions fondamentales comme le processus de concentration-dilution urinaire.

A. Structure du néphron

Chaque néphron se compose de deux parties : le glomérule et le tube rénal.

1. Glomérule (fig. 1)

C'est une sphère creuse comprenant une enveloppe, la capsule de Bowman, et un système de capillaires glomérulaires, le floculus. Entre ces deux éléments se trouve l'espace de Bowman communiquant avec la lumière du tube contourné proximal et dans lequel s'écoule l'ultrafiltrat glomérulaire. Le glomérule possède donc deux pôles : un pôle urinaire s'ouvrant sur le tube contourné proximal et un pôle vasculaire par lequel pénètre l'artériole afférente et ressort l'artériole efférente. Entre les deux artérioles, les capillaires glomérulaires forment un système porte artériel par lequel

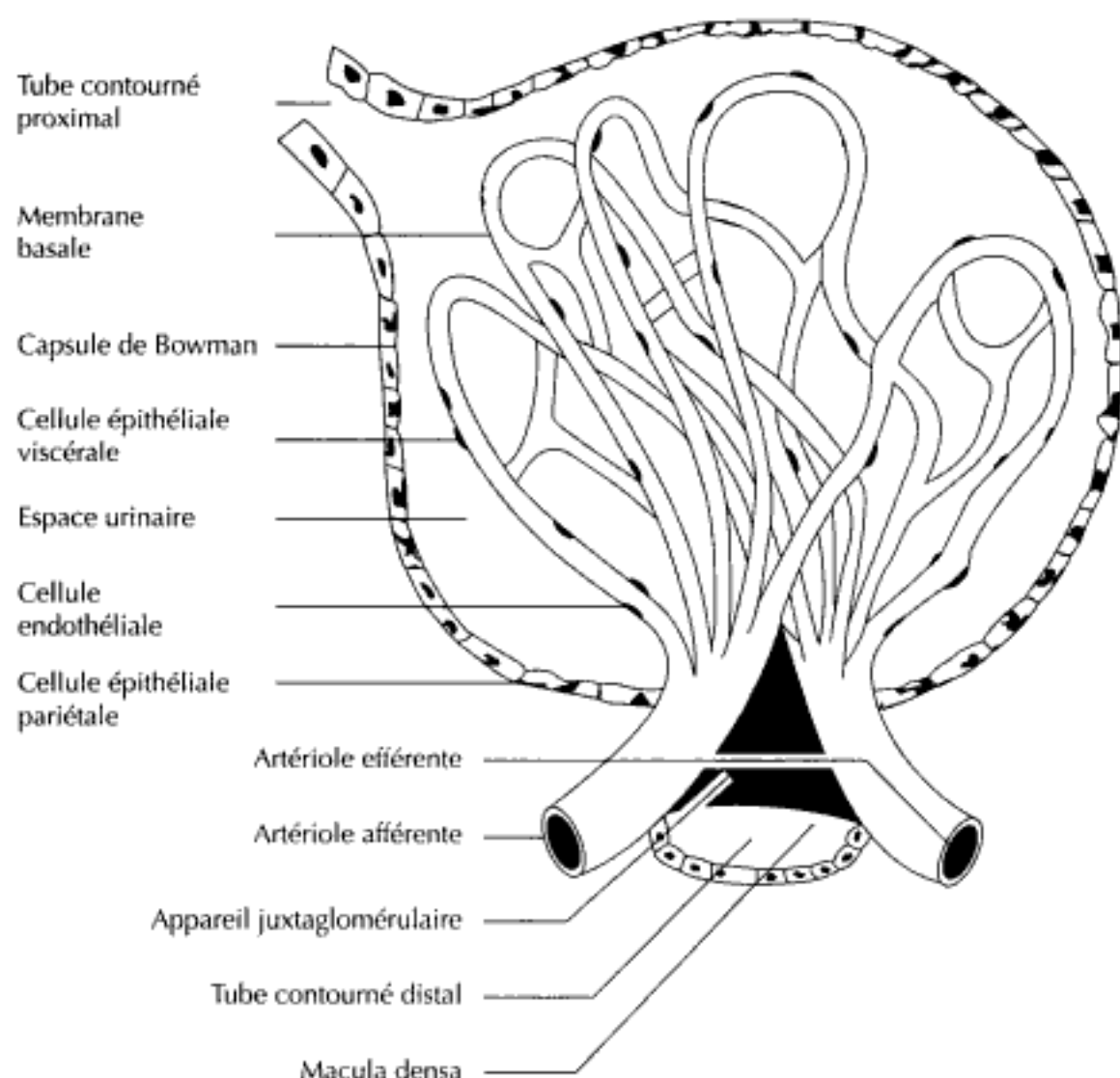


Figure 1. Disposition schématique du glomérule rénal

passé la totalité du débit sanguin rénal, soit 20 % du débit cardiaque. La destinée de l'artériole efférente est différente selon la situation du glomérule : irrigation des tubules (capillaires péri-tubulaires) ou irrigation de la zone médullaire (vasa recta).

2. Tube urinifère (fig. 2)

Il est constitué d'un épithélium polarisé reposant sur une membrane basale. Le pôle apical de ces cellules épithéliales est en rapport avec la lumière du tube urinaire alors que le pôle basolatéral est en rapport avec les capillaires péri-tubulaires. Le tube urinifère est subdivisé en plusieurs segments :

- le tube proximal, lui-même composé de deux parties, une partie contournée adjacente au glomérule et une partie droite ou « pars recta » ;
- l'anse de Henlé, composée de l'anse grêle descendante, de l'anse grêle ascendante et de la branche large ascendante ;
- le tube contourné distal. Le tube distal de chaque néphron entre en contact avec le pôle vasculaire de son glomérule formant l'appareil juxtaglomérulaire ;
- le tube collecteur, qui comprend trois parties :
 - le tube collecteur cortical ;
 - le tube collecteur de la médullaire externe ;

- le tube collecteur de la médullaire interne, ou « tube de Bellini », résultant de la fusion de plusieurs canaux collecteurs s'ouvrant au niveau de la papille et conduisant l'urine définitive à l'entrée des calices.

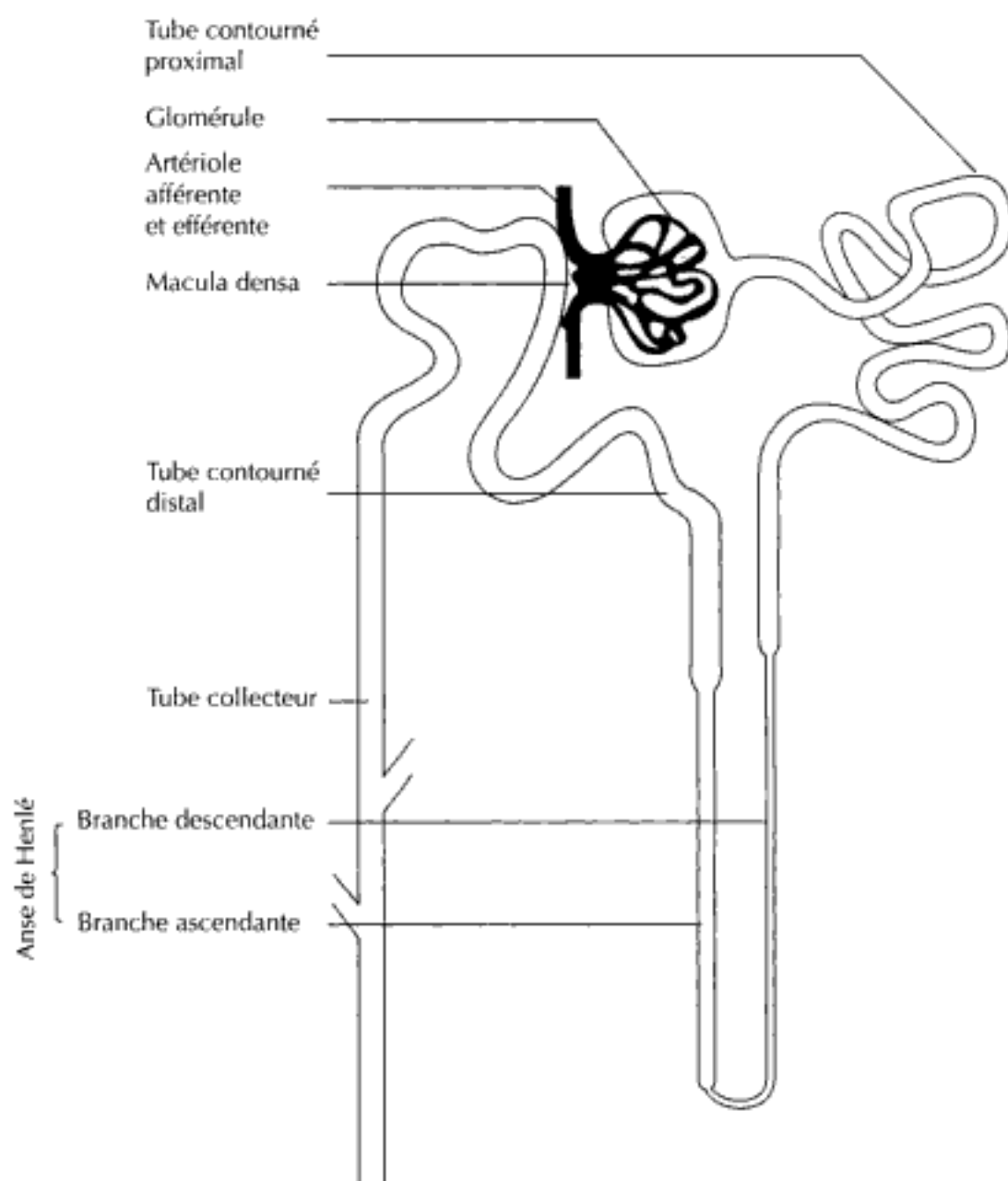


Figure 2. Structure d'un néphron

B. Topographie du néphron et vascularisation

Le cortex rénal contient les glomérules et les tubes contournés proximaux et distaux. Ces derniers sont irrigués par les capillaires péri-tubulaires issus de l'artériole efférente du glomérule correspondant. Les autres parties du tube urinaire se situent dans la médullaire où ils forment une boucle plus ou moins profonde. Entre les branches de l'anse de Henlé cheminent parallèlement des vaisseaux droits, ou « vasa recta », issus des artérioles efférentes et cette disposition particulière joue un rôle important dans les échanges à contre-courant décrits ultérieurement et permettant entre autres le recyclage de l'eau et de l'urée.

II. Vascularisation rénale et filtration glomérulaire

A. Notion de clairance

La clairance est un concept important en physiologie rénale permettant d'établir le rapport entre la quantité d'une substance fournie au rein et la quantité éliminée par le rein. La clairance d'une substance représente le volume virtuel de sang ou de plasma totalement épuré de cette substance par unité de temps. C'est un volume théorique. La formule générale d'une clairance pour une substance éliminée par le rein :

$$C = (U \cdot V) / P$$

C = clairance de la substance considérée en ml/mn ou ml/s. Chez l'homme, pour permettre des comparaisons de clairances entre des sujets de poids et de taille différents (tout particulièrement chez l'enfant), la clairance est rapportée à 1,73 m² de surface corporelle.

U = concentration urinaire de la substance en mmol/L.

P = concentration plasmatique de la substance en mmol/L.

V = volume d'urine émise en ml/min (débit).

Cette définition n'est valable que pour les substances plasmatiques qui ne sont ni métabolisées, ni dégradées, ni synthétisées par le rein. Cette notion de clairance peut être étendue à toutes les substances que le rein élimine. La clairance d'une substance reflète l'épuration globale de cette substance sans préjuger des mécanismes intrarénaux. Les trois grandes fonctions du néphron, filtration, sécrétion et réabsorption, sont étudiées à partir d'épreuves fondées sur la notion de clairance. L'utilisation de substances uniquement filtrées au niveau du glomérule (inuline) permet de déterminer le débit de filtration glomérulaire. Lorsqu'une substance a une valeur de clairance inférieure à la filtration, on peut supposer une réabsorption tubulaire (glucose). Si elle a une clairance supérieure, on admet un processus de sécrétion tubulaire (acide para-aminohippurique ou PAH).

B. Filtration glomérulaire

La filtration glomérulaire représente la première étape de la formation de l'urine. Une fraction (20 %) du plasma circulant dans les capillaires glomérulaires filtre à travers la structure complexe de la paroi capillaire formant l'urine primitive dans l'espace de Bowman, s'écoulant ensuite dans le tube proximal. Le glomérule est une structure spécialisée faite de capillaires sanguins et dont l'endothélium est en étroite relation avec l'épithélium rénal. Au total, le plasma est filtré à travers une structure formée de trois couches successives : les cellules endothéliales des capillaires, la membrane basale et les cellules épithéliales viscérales ou podocytes. L'urine primitive résultant de cette filtration possède deux caractéristiques essentielles :

- d'une part, une identité presque parfaite avec le plasma pour certains caractères physico-chimiques comme le pH, la concentration des différents ions, urée, glucose...

- d'autre part, une faible concentration de protéines de l'ordre de 200 à 300 mg/L. Il s'agit donc d'un ultrafiltrat plasmatique d'un débit d'environ 120 ml/mn chez l'homme.

La nature des substances composant cet ultrafiltrat est déterminée par le caractère sélectif de la membrane basale du glomérule. Une sélectivité en fonction de la taille de la substance : la membrane glomérulaire possède une perméabilité élevée pour l'eau et les solutés de petite taille, mais faible pour les molécules les plus grosses. Les molécules de poids moléculaire inférieur à 5 000 daltons (inuline), à condition de ne pas être liées aux protéines, traversent la membrane glomérulaire librement et se retrouvent dans l'ultrafiltrat à une concentration identique à celle du plasma. À l'inverse, les molécules de poids moléculaire supérieur à 70 000 daltons (*cut off*) sont presque retenues en totalité. En dehors de la taille des molécules, la membrane basale possède également une sélectivité en fonction de la charge électrique des substances : elle possède des charges électriques négatives tendant à repousser les protéines elles-mêmes chargées négativement au pH plasmatique physiologique. La filtration glomérulaire semble être le résultat de deux processus.

- *Filtration (transfert de solutés et de solvant au travers d'une membrane perméable sous l'influence d'un gradient de pression)* : un processus de simple filtration à travers une membrane poreuse rendant compte de la majorité des phénomènes. La filtration glomérulaire est déterminée par l'équilibre des pressions de part et d'autre de la paroi du capillaire glomérulaire. La résultante ou « pression efficace de filtration » (Pf) est la somme algébrique de ces différentes forces favorisant ou s'opposant à la filtration. On peut écrire l'équation suivante :

$$Pf = P_{cg} - [P_o + P_t] \text{ en mmHg}$$

P_{cg} = pression hydrostatique moyenne dans le capillaire glomérulaire favorisant la filtration.

P_o = pression colloïdale osmotique due aux protéines plasmatiques s'opposant à la filtration.

P_t = pression hydrostatique tubulaire s'opposant à la filtration.

À pression efficace de filtration donnée, la filtration glomérulaire dépend également de la perméabilité des capillaires glomérulaires. Celle-ci conditionne en effet le débit du filtrat glomérulaire et la nature des substances composant l'urine primitive. La perméabilité des capillaires glomérulaires est reflétée par le coefficient d'ultrafiltration K_f (ce coefficient est fonction de la perméabilité hydraulique de la membrane et de la surface de filtration). La valeur du K_f des capillaires glomérulaires est très élevée par rapport à celle des autres territoires expliquant l'importance de la filtration malgré une pression efficace de filtration relativement faible. Le débit de filtration glomérulaire dépend, outre du nombre de néphrons fonctionnels, de la pression artérielle (en cas de choc, diminution de la diurèse), de la surface de filtration, de la perméabilité des glomérules et du débit sanguin traversant le glomérule.

- *Diffusion (transfert passif de solutés au travers d'une membrane sous l'influence d'un gradient de concentration)* : un phénomène de diffusion (la paroi capillaire se comportant comme un gel hydraté non percé de pores) interviendrait également pour expliquer le débit élevé de la filtration glomérulaire.

Le volume d'urine primitive formé chaque jour au niveau du glomérule est en effet de 150 à 200 l, dont 99 % seront réabsorbés au niveau tubulaire pour aboutir aux 1 500 ml/24 heures d'urine définitive. La mesure du débit de filtration glomérulaire peut s'effectuer à l'aide d'une substance librement filtrée à travers les glomérules, ni réabsorbée, ni sécrétée au niveau tubulaire, non catabolisée par le rein et ne s'accumulant pas dans le parenchyme rénal. L'inuline, polymère du fructose, correspond à une telle substance et sa concentration dans l'ultrafiltrat est identique à celle du plasma. La clairance de l'inuline représente la méthode de référence pour déterminer le débit de filtration glomérulaire. Sa valeur est d'environ 120 ml/mn/1,73 m² de surface corporelle, soit une filtration glomérulaire de 180 l/24 h. Cette clairance est stable quelle que soit la concentration plasmatique de l'inuline. Cette technique n'est plus guère utilisée en pratique courante car elle présente certains inconvénients : nécessité d'une perfusion afin d'obtenir un taux plasmatique constant et technique de dosage difficilement automatisable. En pratique clinique, on utilise plutôt la clairance de la créatinine endogène, mesurée sur 24 heures ou estimée à l'aide de la formule de Cockcroft et Gault (voir « Pathologie rénale ») ou, encore plus récemment, la détermination de la cystatine C plasmatique.

C. Circulation rénale

Le rein est un organe richement vascularisé. Au niveau des capillaires glomérulaires (« flocculus »), s'effectue l'ultrafiltration du sang. Les capillaires péri-tubulaires remplissent une double fonction : ils sont le siège des processus de réabsorption et de sécrétion tubulovasculaire d'une part et, d'autre part, ils assurent l'apport des substrats énergétiques aux différentes structures tissulaires du rein.

Chez l'homme, le débit sanguin rénal est de 1 200 ml/mn, soit 20 % du débit cardiaque au repos. Près de 90 % de ce débit sanguin sont dirigés vers le cortex, c'est-à-dire au niveau de l'artériole afférente des glomérules pour la filtration. Seulement 20 % du débit plasmatique rénal sont filtrés à travers les capillaires glomérulaires. C'est la fraction de filtration.

Le rein a la capacité de maintenir constant son débit sanguin malgré des variations aiguës de la pression artérielle comprises entre 80 et 140 mmHg : on parle d'auto-régulation rénale. Le mécanisme de contrôle existe au niveau du rein lui-même, reposant sur une adaptation des résistances vasculaires, impliquant d'une part les fibres sympathiques adrénérgiques et, d'autre part, l'intervention de l'appareil juxtaglomérulaire avec stimulation ou inhibition du système rénine-angiotensine. C'est le rétrocontrôle glomérulotubulaire. Toute augmentation de la filtration glomérulaire entraîne une augmentation du débit urinaire au niveau du tube distal conduisant à une stimulation du système rénine-angiotensine et une réduction du débit de filtration glomérulaire.

Le flux sanguin rénal, quantité de sang passant dans le rein en une minute, est mesuré par la clairance du PAH (acide para-aminohippurique) qui est une substance exogène entièrement libre dans le plasma, non liée aux protéines et aux globules rouges, et entièrement éliminée dans les urines par addition d'une filtration glomérulaire et d'une sécrétion tubulaire proximale. On peut donc écrire pour le flux plasmatique rénal (FPR) :

Qu'il s'agisse de transport passif ou actif, les différents substrats pourront traverser la cellule tubulaire dans le sens fluide tubulaire plasma pour la réabsorption ou dans le sens plasma fluide tubulaire pour la sécrétion. Ces différents systèmes de transport se trouvent donc sur les deux pôles de la cellule tubulaire, le pôle apical côté lumière tubulaire, le pôle basolatéral côté plasma.

Nous étudierons successivement les différentes portions tubulaires avec leurs principales fonctions, mais il est évident que, d'une part, le fonctionnement de chaque segment tubulaire retentit sur celui des segments en aval en agissant sur la composition du fluide tubulaire qui leur est délivré et que, d'autre part, il existe au moyen de la disposition anatomique des interactions directes entre segments longitudinalement adjacents.

A. Tube proximal

C'est à ce niveau que se produit la réabsorption massive de l'ultrafiltrat glomérulaire. À l'état normal, à la fin du tube proximal, environ 75 % du filtrat glomérulaire sont réabsorbés. À l'inverse, il y a eu sécrétion d'anions et de cations organiques et d'ions ammonium.

1. Réabsorption de l'eau et du sodium

60 à 70 % de l'eau et du sodium sont réabsorbés au niveau du tube proximal. Dans la première portion du tube proximal, il existe un certain nombre de transporteurs luminaux couplant la réabsorption du Na^+ au transport d'autres substances (fig. 4) :

- cotransport glucose/ Na^+
- cotransport acides aminés/ Na^+
- cotransport Na^+ /phosphate
- contre-transport Na^+/H^+ électroneutre : pour un ion Na^+ réabsorbé, un ion H^+ est sécrété. Ce système participe à la régulation de l'équilibre acido-basique.

Ces différents systèmes de transport génèrent un gradient électrogénique favorisant la réabsorption passive de Cl^- par les jonctions intercellulaires. Dans la seconde portion du tubule proximal, les différents transporteurs décrits ci-dessous fonctionnent avec une moins grande capacité et le sodium est essentiellement réabsorbé d'une part sous forme de NaCl par un mécanisme actif dépendant de la Na/K-ATPase basolatérale et, d'autre part, par diffusion simple au niveau des espaces intercellulaires. La réabsorption de l'eau se fait de manière passive, secondairement à celles des substances dissoutes. On considère qu'au niveau du tube proximal la réabsorption est iso-osmotique, les ions et l'eau étant réabsorbés dans les mêmes proportions et que, par conséquent, le liquide réabsorbé a la même osmolarité que le liquide tubulaire restant.

2. Réabsorption des bicarbonates

Environ 85 % des bicarbonates filtrés sont réabsorbés au niveau du tube proximal en se combinant avec des ions H^+ sécrétés par le tube. La réabsorption des bicarbonates n'est pas sans limites. Pour des concentrations plasmatiques supérieures à

5. Réabsorption du calcium

70 % du calcium plasmatique est ultrafiltrable (calcium ionisé et calcium complexé à certains anions. La fraction non ultrafiltrable est liée aux protéines plasmatiques). Le tube proximal est le siège de 60 à 70 % de la réabsorption du calcium ultrafiltré, cette réabsorption étant étroitement liée à celle du sodium (la réduction de l'apport sodé réduit la calciurie). L'hormone parathyroïdienne n'a pas d'action au niveau proximal sur les mouvements du calcium.

6. Réabsorption de l'urée

La concentration plasmatique d'urée est fonction du taux de production (apports alimentaires protidiques) et du taux d'élimination rénale. L'urée est librement filtrée au niveau du glomérule et 60 % sont réabsorbés passivement au niveau du tube proximal. Le long du tube proximal, la concentration d'urée augmente, liée à la réabsorption du sodium et de l'eau. Nous verrons que l'urée participe dans les segments suivants au processus de concentration-dilution des urines.

7. Réabsorption de l'acide urique

L'acide urique est un acide faible, filtré au niveau glomérulaire à une concentration proche de celle du plasma. Chez l'homme, au niveau du tube proximal, l'acide urique est intensivement réabsorbé de manière active par un mécanisme non spécifique. Environ 90 % des urates filtrés sont réabsorbés. Il existe de plus un processus de sécrétion résultant d'une diffusion simple selon un gradient électrochimique d'urates.

À l'inverse de ces phénomènes de réabsorption, un certain nombre de composés, endogènes ou exogènes, peut être sécrété au niveau proximal. Il s'agit essentiellement d'anions et de cations organiques sécrétés soit par des systèmes de transporteurs spécifiques, soit par un système de diffusion non ionique, dépendant du pH de l'urine. Ceci est important, puisqu'un grand nombre de médicaments sont des acides ou des bases existant dans le plasma sous forme dissociée ou non dissociée. En modifiant le pH urinaire, on peut favoriser la sécrétion de certains composés permettant ainsi leur excrétion urinaire. Parmi les anions organiques, citons les céphalosporines, l'acide salicylique, le phénobarbital, etc. et pour les cations organiques, la quinine, la procaine, la cimétidine, la morphine... Enfin, les cellules proximales synthétisent de l'ammoniac à partir de la glutamine d'origine hépatique. NH_3 est sécrété dans le fluide tubulaire par un mécanisme de diffusion non ionique et participe à la régulation de l'équilibre acido-basique (voir « *Rein et équilibre acide-base* »). Au total, à l'état normal, auront été réabsorbés au niveau proximal par rapport aux charges filtrées, 60 à 70 % de l'eau, du sodium et du potassium, 50 à 60 % du chlorure et de l'urée, 75 à 80 % du phosphate, 80 à 85 % des bicarbonates, et pratiquement 100 % du glucose et des acides aminés. À l'inverse, il y aura une sécrétion d'anions, de cations organiques et de NH_3 .

Certains facteurs importants modulent la réabsorption proximale.

- *L'équilibre glomérulotubulaire* : le pourcentage de substances réabsorbées au niveau du tubule proximal reste relativement constant même en cas de variation du débit de filtration glomérulaire.

- **L'état volémique** : la perfusion de soluté salé ou l'expansion du volume extracellulaire diminuent la réabsorption au niveau du tubule proximal, la déplétion hydrosodée l'augmente.

D'autre part, un certain nombre d'hormones ou de médiateurs agissent au niveau du tube proximal en modulant la réabsorption de nombreuses substances (voir « *Hormones et fonctions rénales* »).

B. Anse de Henlé

Le fluide tubulaire pénètre ensuite dans la branche descendante de l'anse de Henlé. À ce niveau, le fluide est encore iso-osmotique et le rein doit convertir un large volume de filtrat glomérulaire isotonique en un petit volume d'urines hypertoniques.

L'anse de Henlé, grâce à sa disposition anatomique en épingle à cheveux, joue un rôle fondamental dans le processus de concentration-dilution des urines. Le mécanisme en est le suivant :

- la branche descendante de l'anse de Henlé traverse un milieu qui devient de plus en plus hypertonique (gradient osmotique corticopapillaire), l'osmolalité du cortex à la médullaire allant respectivement de 300 à 1 200 mOsmoles/L. En traversant la médullaire hypertonique, le fluide tubulaire se concentre progressivement soit par addition de solutés, soit par soustraction d'eau ;
- la branche ascendante est imperméable à l'eau. De ce fait, seuls sont réabsorbés le sodium et le chlorure de la lumière tubulaire vers le milieu interstitiel. Cette dissociation des transferts de sel et d'eau est à la base de la théorie de la multiplication à contre-courant permettant la concentration de l'urine. En effet, le sodium réabsorbé au niveau de la branche ascendante vers le tissu interstitiel est à l'origine de l'existence du gradient osmotique corticopapillaire permettant d'une part la concentration du sodium dans la branche descendante (entrée de sel et sortie d'eau) et d'autre part une dilution du fluide à la fin de la branche large ascendante (sortie de sel-imperméabilité à l'eau). La réabsorption du Na^+ au niveau de la branche large ascendante se fait de manière active à l'aide d'un cotransport luminal électroneutre ($\text{Na}^+/\text{K}^+/\text{2Cl}^-$) réabsorbant à la fois le sodium, le chlorure et le potassium. Le furosémide (Lasilix®), diurétique de l'anse, inhibe spécifiquement ce transporteur.

À l'entrée du tube distal, l'urine devient hypotonique (osmolalité d'environ 100 mOsm/L).

C. Tube distal

Le tube distal redevient relativement perméable à l'eau et l'osmolalité du fluide tubulaire s'élève progressivement pour s'équilibrer avec celle du liquide interstitiel. Dans les conditions normales, l'urine est de nouveau iso-osmotique (300 mOsm/L) à la fin du tube distal. Les principales fonctions du tube distal sont la réabsorption du sodium et une sécrétion de potassium.

L'ADH augmente la perméabilité à l'eau de la membrane des cellules du tube collecteur. L'ADH permet de concentrer l'urine par la combinaison de trois actions principales sur les tubes collecteurs :

- elle augmente leur perméabilité à l'eau en agissant sur des aquaporines. Les aquaporines AQP sont des canaux hydriques de nature protéique traversant la membrane cellulaire. Il existe plusieurs types d'aquaporines distribuées dans l'organisme. Au niveau du rein, l'ADH agit essentiellement sur AQP 2, permettant ainsi la réabsorption osmotique d'eau lorsque ces canaux traversent les régions médullaires rénales dans lesquelles sont accumulés des solutés (principalement sodium et urée) en concentration très supérieure à celles du plasma ;
- elle agit sur la perméabilité à l'urée des cellules de la portion tout à fait terminale du tubule collecteur grâce à son action sur une protéine transporteuse d'urée (UT1A-1). À ce niveau, en présence d'ADH, l'urée peut diffuser vers le milieu interstitiel dont elle va augmenter la pression osmotique et donc la capacité de soustraire l'eau aux tubes collecteurs. L'urée de cette manière participe au maintien du gradient corticopapillaire nécessaire au processus de concentration des urines ;
- elle stimule la réabsorption du sodium dans la partie corticale des tubes collecteurs grâce à son action sur un canal sodium, ce qui permet de réabsorber plus d'eau à ce niveau (l'eau est entraînée par le sodium).

L'urine, iso-osmotique à l'entrée du tube collecteur, devient progressivement hyperosmotique le long du tube, du fait d'une réabsorption d'eau en excès par rapport à celle du sodium. L'urine atteint un équilibre osmotique avec l'osmolalité élevée au niveau de la papille. Il y a émission d'urine concentrée. À l'état normal, chez un sujet normalement hydraté et en présence d'ADH, l'urine définitive est hyperotonique. À l'inverse, en absence d'ADH, le fluide tubulaire traverse le tubule collecteur sans subir de grandes modifications. Une urine diluée est émise.

Le processus de concentration urinaire est également modulé par le système échangeur à contre-courant des vasa recta (ne pas confondre avec le « système multiplicateur à contre-courant ») permettant le recyclage de l'eau et de l'urée et évitant ainsi la dissipation du gradient osmotique corticopapillaire. L'eau passe directement des vaisseaux descendants vers les vaisseaux ascendants plus concentrés et une partie des solutés remontant des régions profondes par les vaisseaux ascendants regagne les vaisseaux descendants moins concentrés. Une partie de l'urée libérée dans le milieu interstitiel remonte par les vaisseaux ascendants et rediffuse dans la branche descendante de l'anse de Henlé. Ce recyclage de l'eau, des solutés et de l'urée est nécessaire au maintien du gradient corticopapillaire et donc à l'émission d'urine concentrée (fig. 5).

En résumé, quatre facteurs sont indispensables à la concentration des urines :

- la disposition anatomique particulière des néphrons et des vaisseaux ;
- les propriétés particulières de perméabilité à l'eau, au sel et à l'urée des différents segments ;
- les transports actifs de sodium ;
- la présence d'hormone antidiurétique ADH.

Enfin, une autre fonction importante du tube collecteur est d'assurer à l'état normal l'acidification de l'urine nécessaire au maintien d'un équilibre acido-basique normal (voir chapitre ci-après).

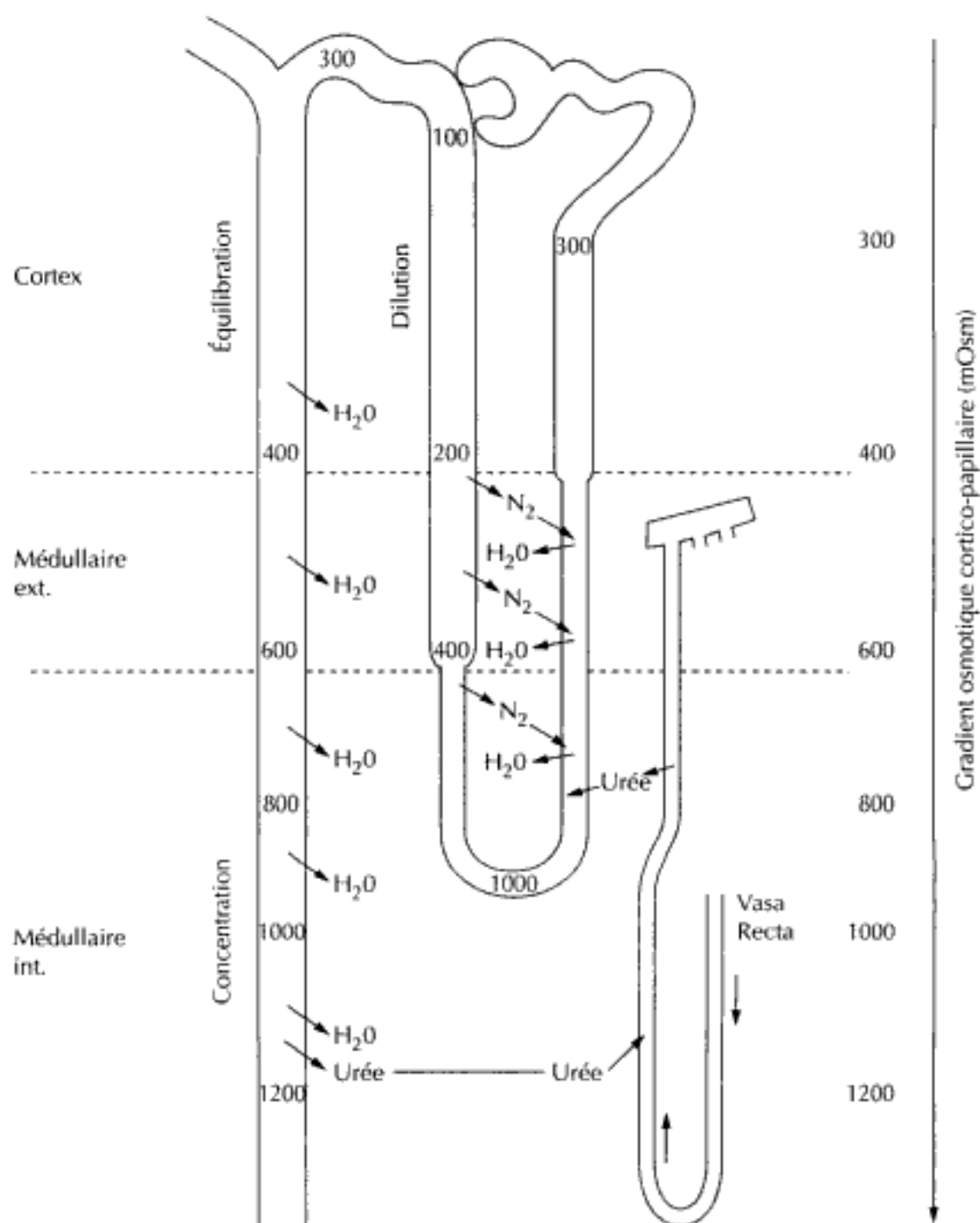


Figure 5. Principe du contre-courant multiplicateur et cycle de l'urée dans l'élaboration d'une urine hypertonique

IV. Rein et équilibre acido-basique

Chez le sujet normal, le pH plasmatique est maintenu dans d'étroites limites (7,37 – 7,43) compatible avec un fonctionnement cellulaire normal. Quotidiennement, l'organisme est soumis à une charge acide d'origine métabolique d'environ 70 à 80 mmoles d'ions H^+ par 24 heures (métabolisme intermédiaire et alimentation). Le rein intervient de deux façons dans cette régulation : d'une part en réabsorbant tous les bicarbonates filtrés au niveau glomérulaire et d'autre part en

excrétant quotidiennement la charge acide sous forme d'acidité titrable et d'ammonium, régénérant ainsi tous les bicarbonates ayant servi à tamponner la charge acide. Le rein accomplit ces deux fonctions en sécrétant activement des ions H^+ dans la lumière tubulaire.

A. Réabsorption des bicarbonates (fig. 6)

À l'état normal, la concentration de bicarbonates plasmatiques est stable et pour une alimentation protidique normale, il n'y a pas de bicarbonates dans les urines.

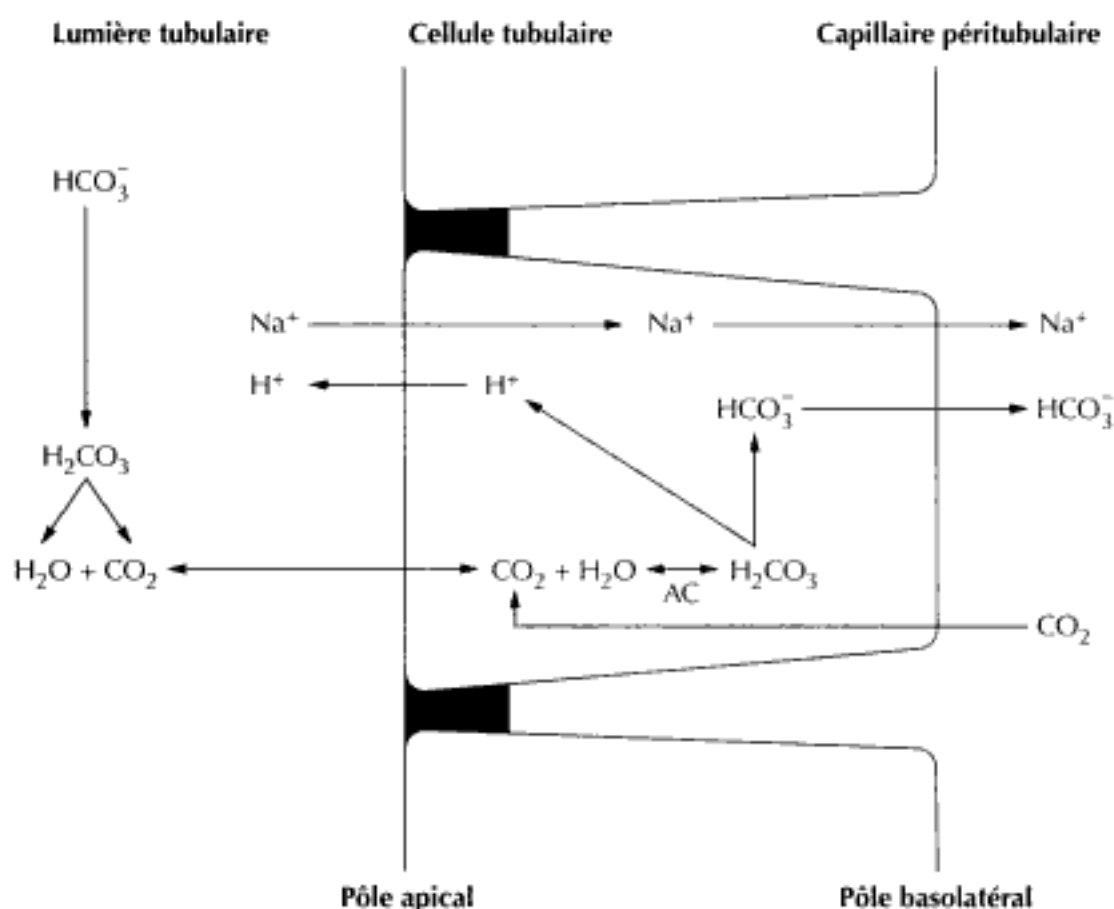


Figure 6. Réabsorption des bicarbonates

Le rein réabsorbe la totalité des bicarbonates filtrés, 85 % au niveau du tube proximal et 15 % au niveau de l'anse de Henlé et du tube collecteur. Cette réabsorption se passe de la manière suivante : l'ion HCO_3^- se combine à un ion H^+ dans la lumière tubulaire. Il se forme alors de l'acide carbonique (H_2CO_3) qui est instable et se décompose en eau et en gaz carbonique. L'eau reste stable dans le tube et sera éliminée. Le CO_2 diffuse dans la cellule tubulaire. Là, une enzyme spécifique localisée dans la membrane apicale, l'anhydrase carbonique, (AC), permet de reconstituer de l'acide carbonique à partir du CO_2 et d'une molécule d'eau. À partir de cet acide se forme un ion H^+ qui sera sécrété dans le tubule et un ion HCO_3^- qui sera réabsorbé au niveau basolatéral dans le sang péri-tubulaire. Ce mécanisme permet donc la réabsorption des bicarbonates filtrés dont l'excrétion urinaire entraînerait une négativation du bilan des ions H^+ .

- au niveau rénal, l'angiotensine II, par son action vasoconstrictrice, diminue le débit sanguin rénal et, à un moindre degré, le débit de filtration glomérulaire. Au niveau du tubule proximal, elle favorise la réabsorption du sodium ;
 - au niveau de la corticosurrénale, l'angiotensine II stimule la sécrétion d'aldostérone.
- Par ces différentes actions, le système rénine-angiotensine II participe activement à la régulation du métabolisme hydrosodé et agit globalement sur le rein pour favoriser la réabsorption du sodium et de l'eau. Chez le sujet sain, l'ingestion de sel est le principal déterminant de la sécrétion de rénine. Un apport sodé élevé augmente le volume extracellulaire freinant la sécrétion de rénine et inversement. La sécrétion de rénine est également stimulée par plusieurs autres facteurs :
- la charge en sodium et en chlore délivrée par le fluide tubulaire au niveau de la macula densa. Toute augmentation de la concentration en NaCl est détectée au niveau de la macula densa, entraînant une sécrétion de rénine par les cellules épithélioïdes. L'angiotensine II produite diminue alors le débit de filtration glomérulaire ;
 - toute chute de la pression artérielle stimule la production de rénine ;
 - toute stimulation du système sympathique stimule la production de rénine. Les bêtabloquants freinent cette sécrétion ;
 - enfin, il existe un rétrocontrôle négatif de la sécrétion de rénine par l'angiotensine II elle-même.

B. Érythropoïétine

L'érythropoïétine (EPO) est une glycoprotéine synthétisée au niveau du rein par les cellules endothéliales des capillaires péri-tubulaires. Le principal stimulus de cette libération est l'hypoxie tissulaire dont le rein est l'un des organes cibles. L'érythropoïétine stimule l'érythropoïèse médullaire.

C. Vitamine D

Le 25 hydroxycholécalférol d'origine hépatique est hydroxylé au niveau rénal pour donner le 1,25 dihydroxycholécalférol ou calcitriol, métabolite biologiquement actif de la vitamine D. L'enzyme responsable, la 1 α -hydroxylase, est localisée au niveau des cellules tubulaires proximales, et la synthèse de calcitriol est liée aux besoins en calcium et phosphore de l'organisme.

D. Autres

Le rein participe également à la synthèse et au métabolisme de différents agents vasoactifs, notamment les prostaglandines et la bradykinine, substances vasodilatrices régulant le tonus vasculaire au niveau rénal.

Métabolisme phosphocalcique

M. DÉCHAUX, MCU-PH de physiologie, Hôpital Necker – Enfants malades, AP-HP, Paris.

I. Calcium

- A. Répartition du calcium dans l'organisme
- B. Homéostasie calcique

II. Métabolisme du phosphore

- A. Répartition du phosphore
- B. Homéostasie
- C. Principales anomalies de la phosphatémie

III. Principaux syndromes affectant le métabolisme phosphocalcique

- A. Pathologie parathyroïdienne
- B. Pathologie de la vitamine D
- C. Insuffisance rénale et ostéodystrophie rénale
- D. Pathologie liée à une lyse osseuse
- E. Autres

Le calcium est un cation essentiel au fonctionnement cellulaire. Il joue un rôle dans la fonction d'excitabilité des cellules musculaires dans la transmission du signal nerveux. Il est un régulateur de l'activité cellulaire et joue un rôle de deuxième messager pour la transmission de nombreux signaux hormonaux. Seul le calcium ionisé a cette activité de régulation. Dans l'os, le calcium est déposé sur la matrice protéique sous forme de cristaux amorphes d'hydroxyapatite et joue un rôle de soutien dans l'architecture du squelette. Le calcium des couches superficielles de l'os joue également un rôle de calcium rapidement mobilisable lors des besoins métaboliques. La régulation de la calcémie ionisée est très précise. Elle se fait à partir des flux calciques bidirectionnels de l'intestin, du rein et de l'os. Deux hormones principales règlent la calcémie et, de façon plus globale, la répartition du calcium dans l'organisme, os compris. Il s'agit de la PTH et du dérivé actif de la vitamine D, le calcitriol. L'action de la PTH est triple : au niveau rénal, elle augmente la synthèse du calcitriol dans le tube proximal et la réabsorption du calcium dans le tube distal. Par ailleurs, elle diminue la réabsorption de phosphate dans le tube proximal. Elle joue un rôle majeur dans le renouvellement osseux et le maintien d'une structure osseuse normale. La régulation de sa sécrétion se fait grâce au calcium sensing receptor dans la parathyroïde. Le calcitriol augmente l'absorption intestinale de calcium et de phosphate et joue un rôle majeur dans le métabolisme osseux. Des données récentes sur sa liaison à son récepteur cytoplasmique et/ou nucléaire, sur les mécanismes de régulation de son action périphérique via ses récepteurs activés sont actuellement disponibles. En particulier, le calcitriol régule la synthèse de protéines impliquées dans le transport du calcium dans l'entérocyte. Le phosphate est également un élément majeur du fonctionnement cellulaire. Sa concentration plasmatique est plus élevée chez l'enfant que chez l'adulte. La phosphatémie est réglée par le rein, mais elle dépend également de l'absorption intestinale et du niveau de remodelage osseux. L'identification récente des cotransporteurs phosphate-sodium aux niveaux rénal, intestinal et osseux est un progrès majeur. Grâce aux avancées récentes de la recherche en physiologie et en biologie moléculaire, la compréhension et l'identification des maladies congénitales du métabolisme du calcium et du phosphate progressent.

I. Calcium

Le calcium est un cation divalent de poids moléculaire 40 qui joue un rôle physiologique important. Dans le plasma, sa concentration molaire est de l'ordre de 2,5 mmol/L mais seul le calcium ionisé a une activité biologique. En intracellulaire, sa concentration est beaucoup plus faible (10^{-7} à 10^{-8} M) et à ces concentrations, sous forme ionisée également, il joue un rôle de régulation de l'activité de la cellule, deuxième messager pour certaines hormones, régulation de l'excitabilité cellulaire pour d'autres. Dans l'os, son rôle est très particulier, rôle de maintien mécanique et rôle de réserve de calcium rapidement mobilisable.

A. Répartition du calcium dans l'organisme

Le calcium est réparti de façon inégale dans les différents compartiments de l'organisme.

1. Dans les liquides extracellulaires (LEC)

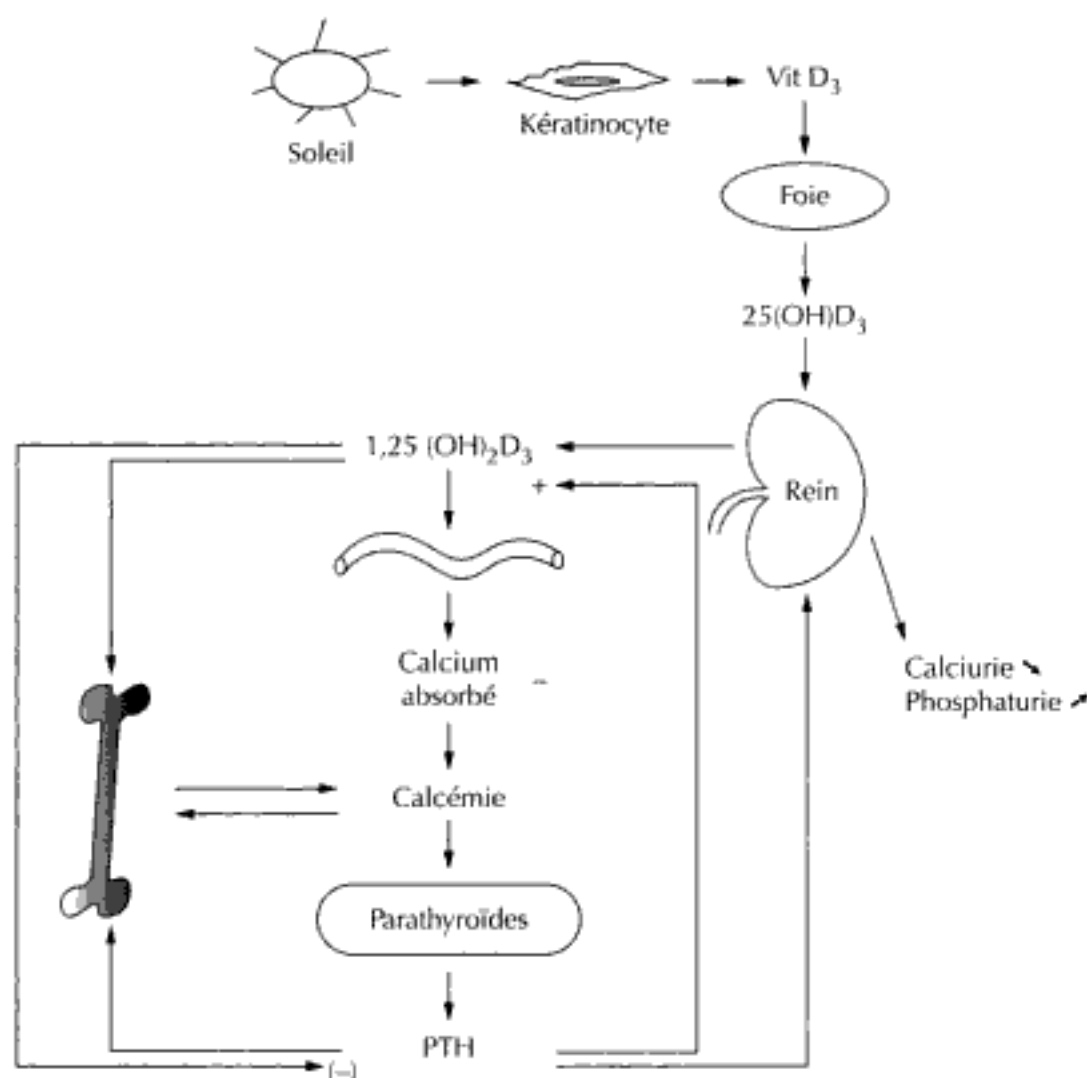
Il représente 0,1 % du calcium total de l'organisme. *Dans le plasma*, la concentration physiologique du calcium est normalement comprise entre 2,25 et 2,65 mmol/L. À noter que les concentrations de calcium chez le nourrisson sont souvent plus élevées, pouvant atteindre 2,75 à 2,80 mmol/L. Chez un individu donné, la calcémie varie très peu, moins de 5 % autour de sa valeur d'équilibre. La calcémie totale (Cat) comprend le calcium lié aux protéines, essentiellement à l'albumine (environ 45 % du Cat), le calcium libre (non lié) et ionisé (environ 50 %) et le calcium libre mais non ionisé car complexé à des anions de type phosphate, citrate et bicarbonate (environ 5 %). *Seul le calcium ionisé est biologiquement actif*. La calcémie totale varie avec la concentration de protéines plasmatiques. De ce fait, toute augmentation de l'albuminémie, de la protidémie en pratique courante, entraîne une augmentation de la calcémie totale. Cette situation biologique peut être observée lors d'une déshydratation touchant le secteur extracellulaire. Inversement, une baisse de l'albuminémie telle qu'on peut la rencontrer dans un syndrome néphrotique entraîne une baisse de la calcémie totale sans modifier pour autant la calcémie ionisée. Cette liaison du calcium à l'albumine dépend du pH sanguin : toute acidose diminue l'affinité de la liaison Ca-albumine et augmente donc, à calcémie totale constante, la calcémie ionisée. Un abaissement de 0,1 unité pH entraîne une augmentation d'environ 0,05 mmol/L de calcium ionisé. Inversement, une alcalose accroît l'affinité de la liaison calcium-albumine et réduit donc, à calcémie totale identique, la calcémie ionisée. *Dans les liquides interstitiels*, la concentration de calcium est en équilibre avec la concentration de calcium diffusible du plasma, soit la somme Ca ionisé et calcium complexé. Elle est de l'ordre de 1,4 mmol/L.

2. Dans le liquide intracellulaire

Le stock de calcium représente environ 100 mmol contre 35 mmol pour le secteur extracellulaire. Ce calcium est essentiellement sous forme liée à l'intérieur des organites cellulaires, entre autres mitochondries et réticulum endoplasmique, d'où il peut être libéré sous l'action d'un signal et déclencher une cascade de réactions. En situation basale, la concentration du calcium intracellulaire, $[Ca^{++}]_i$ sous forme libre, est de l'ordre de 10^{-8} M.

3. Dans l'os

Le calcium est très abondant. Il représente environ 30 moles, soit 1,200 kg. Ce calcium est réparti dans deux compartiments, le compartiment d'os profond et le compartiment dit de « calcium rapidement échangeable », représentant environ 100 mmoles. Ce dernier joue un rôle crucial dans la régulation de la calcémie. Les échanges bidirectionnels entre ce compartiment et le liquide extracellulaire sont



Les étapes de la synthèse de la forme active de la vitamine D, le 1,25-(OH)₂D₃ ou calcitriol sont représentées. Le calcitriol agit sur l'intestin en augmentant l'absorption intestinale de calcium, sur l'os en participant au remodelage osseux et en facilitant sa minéralisation, sur la parathyroïde dont elle freine la sécrétion. La parathormone agit sur l'os en participant également au remodelage osseux, sur le rein en augmentant la réabsorption distale du calcium et en diminuant la réabsorption proximale de phosphate. La PTH stimule la synthèse rénale du calcitriol.

Figure 7. Régulation de la calcémie

b) Régulation de la synthèse du calcitriol

La PTH stimule la synthèse de la 1,25 et ainsi entraîne indirectement une augmentation de l'absorption intestinale de calcium. L'augmentation de la calcémie entraîne alors une freination de la synthèse et de la libération de la PTH. En outre, par l'intermédiaire de ses récepteurs VDR dans la glande parathyroïde, le 1,25 entraîne une inhibition directe de la synthèse de PTH. Elle exerce également une action régulatrice sur le gène de la 1 α -hydroxylase rénale. La calcémie semble donc n'avoir qu'une influence indirecte, via la PTH, sur la sécrétion du calcitriol. En revanche, la phosphatémie est un facteur de stimulation puissant de la 1 α (OH)ase rénale : l'hypophosphatémie stimule et l'hyperphosphatémie déprime la sécrétion de calcitriol. De nombreuses hormones ou facteurs liés à la croissance, à la nutrition ou à l'équilibre calcique ont des actions sur la production de calcitriol. Les sujets âgés, en particulier, ont une diminution de la régulation du calcitriol par la PTH. Cela pourrait expliquer la diminution de l'absorption calcique observée à cet âge.

phosphominéral osseux par action directe sur l'os et le rein. La CT réduit le catabolisme osseux par un effet inhibiteur sur les ostéoclastes dont elle freine l'activité, la mobilité, le nombre, le taux de renouvellement et l'activité sécrétoire : elle inhibe la libération d'hydroxylases acides de l'ostéoclaste et l'activité Na,K-ATPase. Directement ou indirectement, elle favorise l'activité ostéoblastique et donc l'augmentation de la masse osseuse. L'action hypocalcémiante de la CT est largement utilisée en thérapeutique dans la maladie de Paget dont elle réduit le turn-over osseux et dans l'hypercalcémie. Le cancer médullaire de la thyroïde est une des seules maladies dans lesquelles une anomalie de sécrétion de la calcitonine a été identifiée : la calcitonine est sécrétée en excès et la concentration plasmatique de CT est le marqueur spécifique de cette tumeur. Curieusement, aucune anomalie du bilan phosphocalcique n'est notable dans cette affection, évoquant une désensibilisation des récepteurs primitive ou secondaire à la sécrétion de CT.

II. Métabolisme du phosphore

Le phosphore est avec le calcium le composant le plus important dans le squelette. Il est aussi très abondant dans les tissus mous. Il se trouve sous forme de phosphate minéral ou sous forme de phosphore organique (esters phosphoriques). Son poids moléculaire est de 31.

A. Répartition du phosphore

Le phosphore total représente environ 20 moles, soit environ 600 g dont 85 % se trouvent dans l'os. Environ 15 % du phosphate se trouve dans les LEC et dans les tissus mous, et 85 % dans l'os sous forme cristalline.

Liquides extracellulaires : la masse totale de phosphate y est très faible, représentant environ 15 mmoles – soit moins de 0.1 % du phosphate total de l'organisme. Dans le plasma, la concentration de phosphate est comprise entre 0,8 et 1,5 mmol/L chez l'adulte. Elle est plus élevée chez l'enfant, comprise entre 1,6 et 2,4 mmol/L chez le nourrisson, s'abaissant progressivement lorsque l'enfant grandit. Environ 12 % des phosphates sont sous forme liée aux protéines, le reste étant sous forme libre, ionisée. Ils sont sous forme de phosphate monovalent pour 25 % et sous forme phosphate divalent pour 75 % au pH normal du sang de 7,40 (le pK des phosphates est de 6,80). Dans le secteur intracellulaire, sa concentration est difficile à évaluer. Il est essentiellement sous forme de phosphore organique dont le rôle fonctionnel est très important en particulier dans la synthèse de l'adénosine triphosphate (ATP), source énergétique de la cellule.

B. Homéostasie

Le bilan du phosphate de l'organisme repose sur l'équilibre entre le régime alimentaire, l'absorption digestive, la réabsorption rénale et le stockage osseux sous

forme d'hydroxyapatite. La phosphatémie est régulée de façon moins étroite que la calcémie. Aucun « *phosphate sensor* » n'a encore été mis en évidence à ce jour. La phosphatémie dépend des apports alimentaires de phosphates et de leur absorption intestinale. De nombreux facteurs modulent cette absorption digestive. Enfin, le rein équilibre le bilan des phosphates en modulant la réabsorption tubulaire sous l'action des hormones calciotropes et surtout de la PTH.

1. Absorption intestinale

L'apport moyen journalier est de l'ordre de 30 à 50 mmoles et couvre toujours largement les besoins. L'absorption du phosphate se fait tout au long du tube digestif, y compris le côlon, de façon passive par la voie paracellulaire et de manière plus active par la voie transcellulaire, plutôt dans les parties proximales comme le duodénum. Contrairement à l'absorption du calcium, celle du phosphate n'est pas limitée : elle est proportionnelle aux apports alimentaires. L'identification des cotransporteurs Na-PO₄ présents dans le rein, l'intestin et l'os a constitué une avancée majeure de ces dernières années. Le calcitriol augmente l'absorption digestive en régulant des cotransporteurs apicaux de type 2b, Npt-2b, dans la bordure en brosse des entérocytes. Ces cotransporteurs jouent un rôle important dans la régulation de l'absorption intestinale lorsque le régime est carencé en phosphates. La présence en quantités importantes de calcium et de phosphates dans la lumière intestinale limite l'absorption du phosphate car elle entraîne une précipitation intestinale de sels de phosphate de calcium insolubles. Des chélateurs du phosphate (sels d'aluminium) ont été autrefois utilisés pour lier le phosphate et inhiber son absorption digestive chez le dialysé ou l'insuffisant rénal sévère afin d'abaisser la phosphatémie. De nos jours, cette prescription de sels d'aluminium est proscrite du fait des complications graves, en particulier encéphaliques et osseuses (os adynamique), qu'elle a pu entraîner.

2. Rein et phosphate

Le rein est l'organe de régulation de la phosphatémie. C'est la réabsorption tubulaire qui constitue le déterminant majeur contrôlant l'homéostasie du phosphate. Le phosphate libre est filtré par le glomérule et réabsorbé massivement dans le tube proximal (70 à 80 %). Le transport de phosphate couplé à celui du sodium constitue l'étape limitante de l'ensemble du processus. Ce transport de phosphate se fait grâce à des cotransporteurs sodium phosphate de type 2 (Npt-2a) qui se trouvent au niveau de la bordure en brosse du tube proximal. La PTH règle la réabsorption du phosphate via l'activation de ses récepteurs dans le TP. Elle entraîne une internalisation irréversible de ces transporteurs dans le tube proximal. De ce fait, la réabsorption du phosphate ne s'opère plus. Le contenu en phosphate du régime alimentaire provoque lui aussi des changements dans l'absorption intestinale du phosphate, représentant le phénomène connu depuis longtemps d'adaptation rénale directe du rein aux apports et aux besoins en phosphate. Il semble que ce soit l'abondance de Npt-2a au niveau apical qui soit le médiateur de cette réponse rénale directe, indépendante de la PTH, comme suggéré par les résultats de l'inactivation du gène de Npt-2a. En cas de restriction portant à la fois sur les apports



Physiologie des surrénales

J.-M. VILLETTE, J. FIET

Biologie hormonale, Hôpital Saint-Louis, AP-HP, Paris.

J. GUÉCHOT, Biochimie – Hormonologie, Hôpital Saint-Antoine,
AP-HP, Paris (révision 2007).

I. Anatomie

- A. Zones histologiques
- B. Zones fonctionnelles

II. Physiologie de la corticosurrénale

- A. Stéroïdogenèse corticosurrénalienne
- B. Sécrétions stéroïdiennes
- C. Glucocorticoïdes
- D. Minéralocorticoïdes
- E. Androgènes surrénaliens

III. Physiologie de la médulosurrénale

- A. Synthèse et sécrétion de l'adrénaline
- B. Devenir des catécholamines sécrétées
- C. Actions de l'adrénaline

Petites par leur taille mais grandes par leurs fonctions, les glandes surrénales, pesant seulement 5 à 10 g, sont vitales. En leur absence, la mort survient en quelques jours. Les troubles liés à leur hypofonctionnement sont assez rares, ceux qui sont associés à leur hyperfonctionnement sont un peu plus communs. Des hormones synthétiques similaires à leurs sécrétions naturelles sont largement utilisées dans le traitement de nombreuses maladies. La fonction globale des surrénales est de protéger l'organisme contre les agressions aiguës ou chroniques. Les hormones stéroïdes de la zone corticale et les catécholamines de la partie médullaire assurent le développement d'un état protecteur contre les agressions brutales (stress, blessures, etc.) et facilitent la résistance corporelle à la privation d'eau et de nourriture. Dans les états de stress aigu, les catécholamines provoquent une mobilisation du glucose et des acides gras pour alimenter la consommation énergétique et préparent le cœur, les poumons et les muscles à l'action. Les glucocorticoïdes protègent contre les réactions exagérées de l'organisme aux agressions, réactions susceptibles de menacer l'homéostasie. Dans les états de privation d'eau et de nourriture, les stéroïdes corticosurréniens stimulent la gluconéogenèse pour maintenir l'apport en glucose et augmentent la réabsorption du sodium pour maintenir le volume liquidien de l'organisme.

I. Anatomie

Les glandes surrénales sont deux formations d'aspect pyramidal localisées, comme leur nom l'indique, au-dessus des reins (fig. 1).

En relation avec leurs fonctions essentielles, elles sont particulièrement bien vascularisées en sang artériel par de nombreuses artéioles provenant de l'aorte, des artères rénales et des artères phréniques. Par gramme de tissu, elles ont un des débits sanguins les plus élevés de l'organisme. Le sang artériel pénètre par le cortex externe, circule par des réseaux capillaires entre des cordons de cellules puis est collecté à l'intérieur dans des veinules de la zone médullaire. À droite, la veine surrénale se jette directement dans la veine cave inférieure. À gauche, elle pénètre dans la veine rénale gauche.

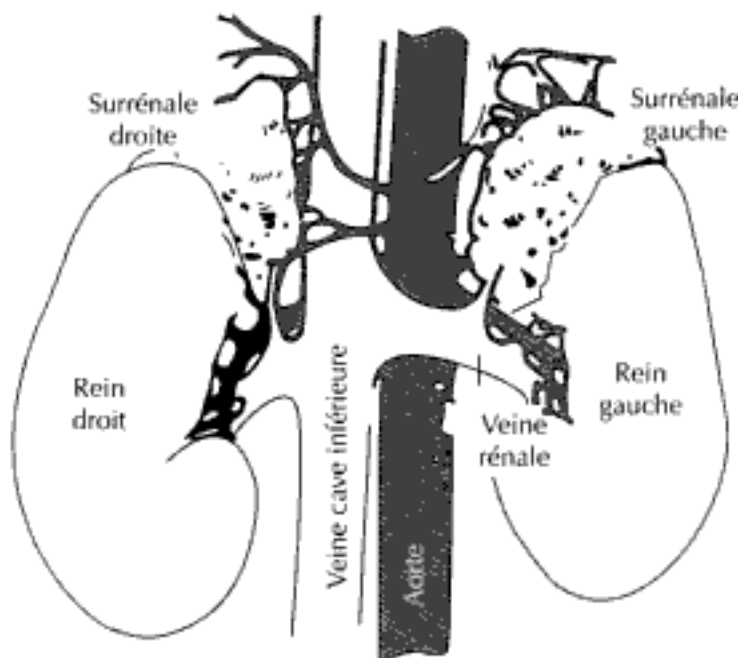


Figure 1. Schéma anatomique des glandes surrénales

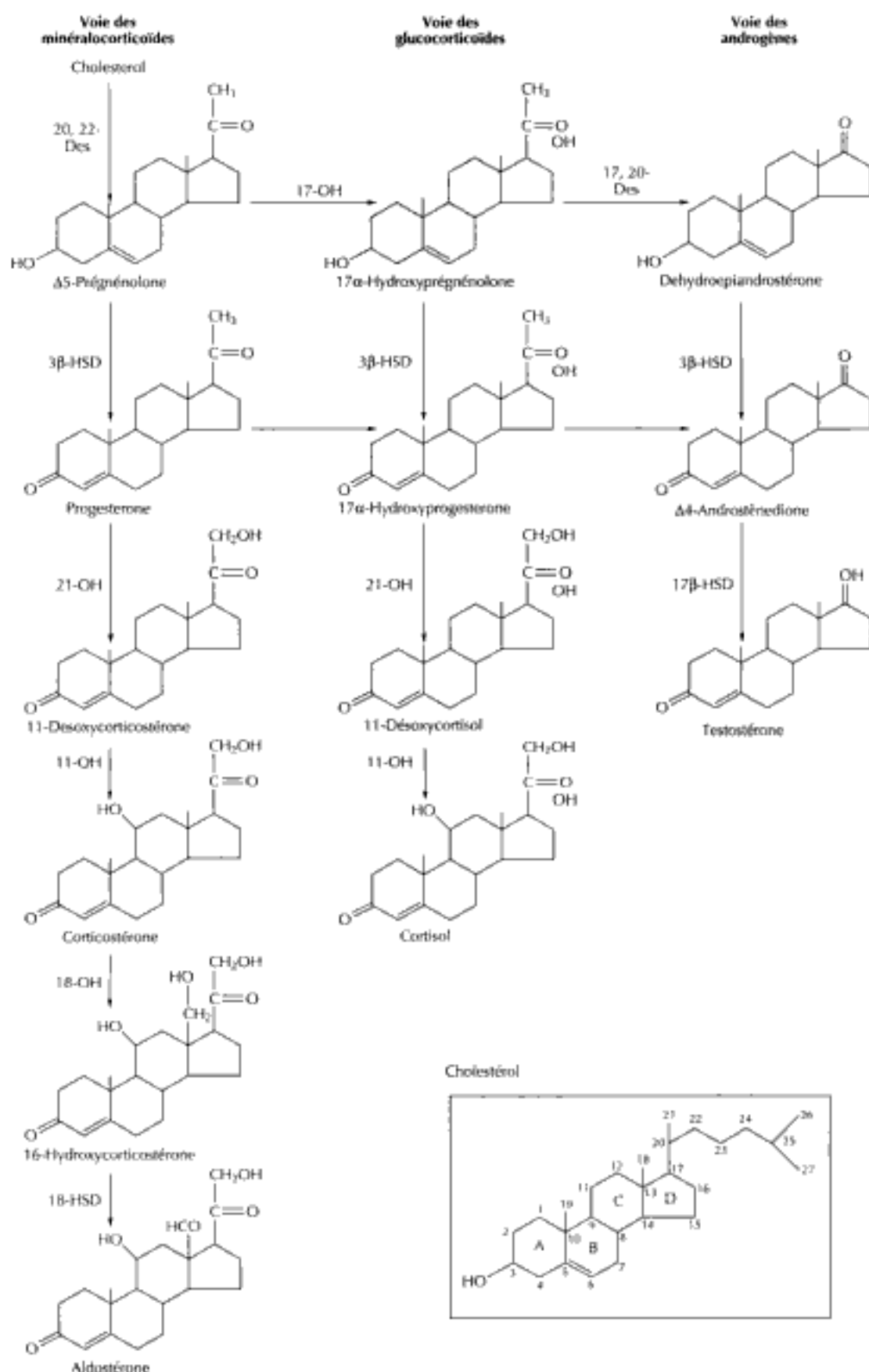
locorticoides, n'est pas très fonctionnelle. Ces cellules produisent de grandes quantités de déhydroépiandrostérone (DHA ou DHEA) ou prastérone qui sert de précurseur pour la synthèse des estrogènes par le placenta. Après la naissance, la zone corticale fœtale interne s'involve rapidement et la partie sous-capsulaire externe se différencie pour former les trois zones corticales de la surrénale postnatale.

B. Zones fonctionnelles

La disposition anatomique des vaisseaux sanguins du cortex externe vers la zone médullaire interne est probablement responsable de la différenciation des sécrétions des différentes zones de la corticosurrénale. Les cellules sous-capsulaires sont capables de donner naissance aux trois zones corticales. Conformément à l'une des théories sur leur différenciation, les cellules les plus jeunes seraient situées sous la capsule, formant la zone glomérulée et, au fil du temps, elles migreraient vers l'intérieur. Les cellules de la zone réticulée, étant les plus vieilles, auraient un faible taux de division cellulaire, une pigmentation plus prononcée et d'autres signes d'une perte progressive d'activité fonctionnelle.

Outre le vieillissement, les sécrétions stéroïdiennes semblent également intervenir sur la différenciation des trois zones corticales en modulant leurs mécanismes enzymatiques. En effet, lorsque les cellules de chaque zone sont enlevées de leur structure anatomique naturelle, elles présentent le même type de sécrétion. Il semblerait que les stéroïdes eux-mêmes ainsi que les sous-produits métaboliques de la synthèse stéroïdienne, en particulier ceux provenant de la peroxydation des lipides, soient responsables d'une inactivation enzymatique progressive. Ainsi, les complexes enzymatiques responsables de la transformation des stéroïdes précurseurs en aldostérone au niveau de la zone corticale externe sont rapidement inactivés lorsqu'ils sont en contact avec des concentrations trop élevées soit de stéroïdes, soit de peroxydes lipidiques. Il en résulte que l'aldostérone ne peut plus être synthétisée par les cellules situées sous la zone corticale externe. De façon identique, de fortes concentrations de stéroïdes sont susceptibles d'inhiber les hydroxylases des cellules de la zone corticale la plus interne, rendant impossible la conversion des précurseurs en cortisol, d'où une sécrétion par cette zone du premier des stéroïdes de la voie des androgènes, la déhydroépiandrostérone ou DHA. De plus, les fortes concentrations en peroxydes dans la zone réticulée, la plus interne, sont vraisemblablement responsables de la sénescence et de la mort cellulaire dans cette zone.

La disposition des vaisseaux sanguins entre le cortex externe et la médullaire interne semble également permettre le maintien de taux élevés de synthèse et de sécrétion de la principale catécholamine nécessaire à la réponse au stress aigu : l'adrénaline. L'enzyme responsable de la transformation de la noradrénaline en adrénaline, la N-méthyltransférase, est spécifiquement induite par le cortisol, principal stéroïde sécrété par le cortex. En conséquence, après la réponse immédiate au stress par libération de l'adrénaline stockée, la sécrétion de cortisol va permettre d'assurer une synthèse continue de catécholamines.



La numérotation conventionnelle des atomes du cholestérol figure dans l'encadré.

Les abréviations suivantes ont été utilisées pour les enzymes : 20,22-Des, 20,22-desmolase ; 17,20-Des, 17,20-desmolase ; 3 β -HSD, 3 β -hydroxystéroïde déshydrogénase ; 17 β -HSD, 17 β -hydroxystéroïde déshydrogénase ; 17-OH, 17-hydroxylase ; 21-OH, 21-hydroxylase ; 11-OH, 11-hydroxylase ; 18-OH, 18-hydroxylase et 18-HSD, 18-hydroxystéroïde déshydrogénase.

Figure 3. Principales voies de synthèses des stéroïdes surrénaliens

Quelques précurseurs des principaux produits terminaux sont également sécrétés par les surrénales. Ils sont en général moins actifs et sont retrouvés à des concentrations plus faibles sauf dans les déficits congénitaux pouvant toucher les différentes enzymes de la synthèse stéroïdienne.

C. Glucocorticoïdes

Le cortisol est le principal glucocorticoïde retrouvé chez l'homme et la plupart des mammifères alors que la corticostérone remplit ce rôle chez les rongeurs.

1. Régulation de la sécrétion des glucocorticoïdes

La sécrétion corticosurrénalienne est contrôlée principalement par l'adrénocorticotrophine hypophysaire ou ACTH, hormone peptidique sécrétée par l'antéhypophyse en réponse à la corticolibérine ou CRH d'origine hypothalamique (fig. 4).

a) Action de l'ACTH

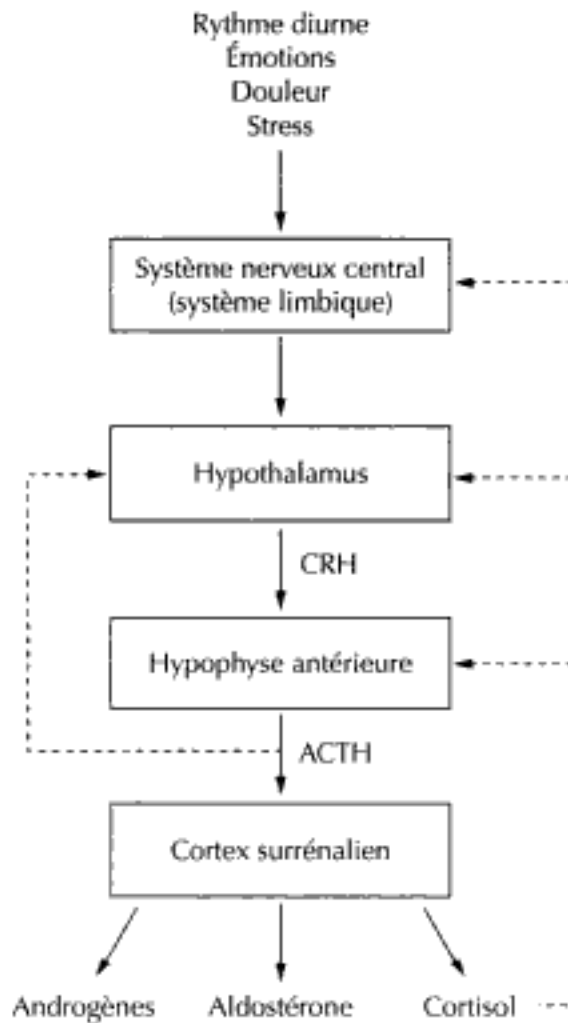
L'ACTH sécrétée par l'hypophyse antérieure exerce ses effets sur les cellules des trois zones de la corticosurrénale. Après liaison à ses récepteurs membranaires surrénaliens, l'ACTH provoque une activation de l'adénylate cyclase, augmentant l'AMP cyclique et activant ainsi les protéines kinases qui convertissent les esters du cholestérol en cholestérol libre. En plus de cet effet, l'ACTH stimule la 20,22-desmolase, activant ainsi la conversion du cholestérol en Δ^5 -prégnénolone d'où une stimulation des réactions de biosynthèse en cascade vers le cortisol.

Les taux plasmatiques de cortisol commencent à s'élever dans les minutes qui suivent une injection intraveineuse d'ACTH, puis augmentent de deux à cinq fois en l'espace de trente minutes. Dans les cas de stimulations chroniques par l'ACTH, la masse de tissu surrénalien augmente et la sécrétion de cortisol peut atteindre 200 à 250 mg/jour, soit dix à vingt fois la sécrétion basale normale.

b) Sécrétion surrénalienne des glucocorticoïdes

■ Rythmes spontanés

Lorsque la concentration plasmatique du cortisol est mesurée toutes les vingt minutes durant une période de 24 heures, on observe des fluctuations irrégulières. Des élévations rapides de la cortisolémie, correspondant à des périodes de sécrétions, surviennent de sept à treize fois par jour selon un schéma à peu près identique chez tous les individus. Ces épisodes sécrétoires suivent de quinze à trente minutes ceux de l'ACTH plasmatique. Globalement, la cortisolémie est plus élevée le matin au moment du réveil et diminue progressivement au cours de la journée puis de la soirée pour atteindre un minimum durant les deux premières heures suivant l'endormissement. Les taux remontent ensuite progressivement durant les dernières phases du sommeil pour atteindre un maximum au moment du réveil. Ce rythme circadien de la cortisolémie avec des taux élevés matinaux et des taux bas nocturnes est présent chez tous les sujets avec une vie active diurne et un sommeil nocturne. Le ou les facteurs agissant sur l'hypothalamus pour régler la durée et la fréquence des épisodes sécrétoires selon ce rythme ne sont pas connus.



Les flèches en traits pleins indiquent une stimulation, celles qui sont en pointillé un effet inhibiteur.

Figure 4. Mécanismes de régulation de la sécrétion des glucocorticoïdes

Le rythme circadien de la cortisolémie peut être modifié en décalant la période de sommeil (travailleurs nocturnes, voyageurs soumis à un décalage horaire important, etc.), mais seulement si le changement est maintenu plusieurs jours. Chez les animaux nocturnes comme le rat, la période de sommeil est inversée, ce qui entraîne un pic de sécrétion de corticostérone (principal glucocorticoïde chez cet animal) durant la nuit et un taux circulant minimum durant le jour. Les variations diurnes de la cortisolémie ne se produisent pas chez l'enfant avant l'âge d'un an et n'atteignent pas celles de l'adulte avant trois ans. Cela s'expliquerait par les périodes d'éveil et de sommeil différentes des jeunes enfants.

Les sécrétions épisodiques ne sont pas une conséquence d'un taux plasmatique abaissé de glucocorticoïdes entraînant une sécrétion d'ACTH. Les faibles concentrations de cortisol retrouvées dans les premières heures du sommeil ne provoquent pas de sécrétion d'ACTH et la cortisolémie élevée durant la phase de sécrétion principale ne supprime pas la libération continue d'ACTH pendant cette phase. Les sécrétions épisodiques et rythmiques d'ACTH persistent dans l'insuffisance surrénalienne correctement supplémentée. Il apparaît donc que la fonction corticosurrénalienne est modulée rythmiquement par le système hypothalamo-hypophysaire, opérant par l'intermédiaire de l'ACTH, en réponse à une stimulation cyclique provenant notamment du système limbique.

■ Réponse surrénalienne au stress

Différents stimuli psychologiques (anxiété, émotions fortes, etc.) ou physiques (blessures, brûlures, opérations chirurgicales, hypoglycémie, exposition au froid, hypotension, hypovolémie, exercices physiques violents, etc.) réalisent un tableau d'agression ou stress susceptible d'augmenter la libération d'ACTH et donc l'activité corticosurrénalienne. Suivant la durée et l'intensité de ces stimuli, la stimulation surrénalienne peut être aiguë ou chronique. Les stimulations aiguës se caractérisent par une libération simultanée de glucocorticoïdes et d'adrénaline par les surrénales alors que les stimulations chroniques se traduisent principalement par une sécrétion de glucocorticoïdes.

c) Métabolisme

Lorsqu'il parvient dans la circulation sanguine, le cortisol se lie pour la plus grande partie (75 à 80 %) à une α_2 -globuline spécifique : la transcortine ou CBG (*corticosteroid-binding globulin*). Cette protéine de liaison spécifique, à un taux normal de 30 à 40 mg/L, est saturée pour une cortisolémie de 280 ng/ml. De la fraction de cortisol non liée à la transcortine, la majorité se fixe à l'albumine (15 à 20 % de la cortisolémie totale), mais moins fortement qu'à la transcortine, et le reste, soit à peu près 5 % du cortisol circulant, est retrouvé sous forme libre qui serait la forme physiologiquement active, capable de pénétrer au niveau des cellules.

La synthèse de la transcortine est réalisée par le foie. Elle est stimulée par les estrogènes comme celle des autres protéines de liaison des hormones. Lorsque le taux de transcortine augmente, la quantité de cortisol lié est plus importante. Il en résulte que les femmes recevant des estrogènes exogènes (estroprogestatifs) ou ayant des taux endogènes élevés possèdent un cortisol plasmatique total augmenté, mais comme leur cortisol libre est normal, elles ne présentent pas de manifestation d'excès de cortisol. D'un autre côté, les taux de transcortine sont abaissés dans les affections où la concentration des protéines plasmatiques est diminuée, comme dans la cirrhose hépatique. Dans ce cas également, le taux de cortisol libre est normal.

La demi-vie du cortisol exogène est de 70 à 90 minutes. Le cortisol peut être transformé en son analogue 11-céto, la cortisone, le premier glucocorticoïde isolé et utilisé en thérapeutique. La plus grande partie du cortisol et de la cortisone est métabolisée au niveau du foie en dérivés tétrahydrogénés puis conjuguée en glucuronides. Les glucuronides sont plus hydrosolubles et représentent les principales formes excrétées dans l'urine. La mesure de ces métabolites dans l'urine par des méthodes colorimétriques, comme celle des 17-hydroxystéroïdes, ont été pendant longtemps les méthodes les plus utilisées pour mesurer la production de cortisol. Actuellement, les taux plasmatiques et urinaires de cortisol sont mesurés par des méthodes radio-immunologiques ou immunoenzymatiques.

Actuellement, l'excrétion urinaire des 24 heures du cortisol non métabolisé est certainement la méthode la plus précise pour apprécier la production de cortisol. Seul le cortisol libre est excrété dans l'urine et le cortisol libre urinaire, dans la population normale, n'excède pas 100 μ g/24 heures. Lorsque la sécrétion cortisolique augmente et que la cortisolémie atteint des taux de 250 à 300 ng/ml, la capacité de liaison de la transcortine est dépassée, le taux de cortisol libre augmente et une plus grande quantité de cortisol est filtrée au niveau rénal puis excrétée dans l'urine.

2. Action des glucocorticoïdes

Le cortisol est essentiel à la vie pour un ensemble de raisons qui ne sont pas toujours bien connues. D'une façon simplifiée, le cortisol apparaît nécessaire au maintien d'un ensemble de processus susceptibles d'être altérés à la suite de stress prolongé et pour juguler les manifestations secondaires des réactions inflammatoires. La plupart des effets du cortisol sont permissifs, c'est-à-dire non directement responsables du déclenchement de réactions métaboliques ou circulatoires mais nécessaires à leur totale expression.

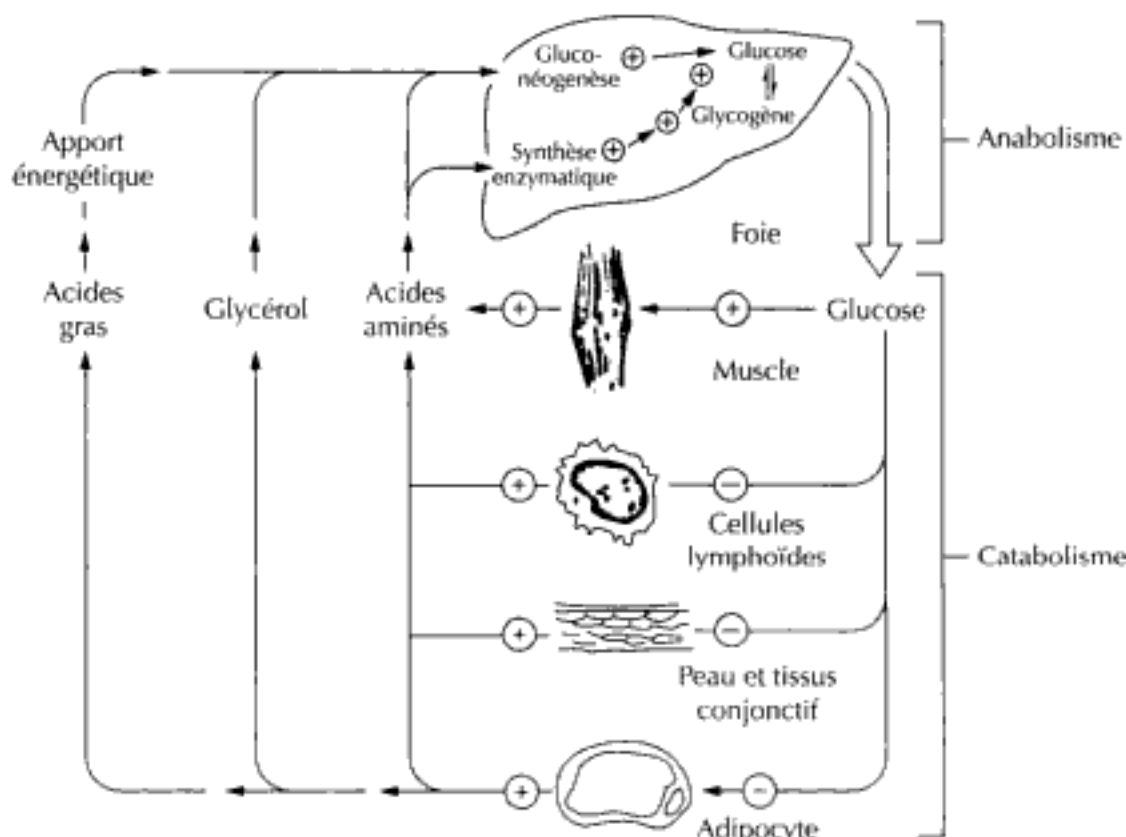


Figure 5. Actions des glucocorticoïdes sur les tissus périphériques. Les signes « + » indiquent une stimulation, les signes « - » une inhibition

a) Actions sur le métabolisme intermédiaire

L'ensemble des effets anaboliques et cataboliques du cortisol est représenté dans la figure 5. L'effet prédominant du cortisol est catabolique et consiste à faciliter la transformation des protéines des muscles et du tissu conjonctif en glucose et glycogène. Cette glycogénèse est la résultante d'une augmentation de la dégradation des protéines déjà formées et d'une diminution de la synthèse des nouvelles protéines. Cette synthèse de glucose à partir des acides aminés joue un rôle très important durant un jeûne prolongé où le glucose circulant et les stocks hépatiques de glycogène seront consommés en moins de 24 heures.

b) Actions sur le métabolisme glucidique

Le cortisol provoque non seulement une augmentation de l'apport en glucose en stimulant la néoglucogénèse, mais diminue également l'utilisation du glucose par les cellules. La stimulation de la néoglucogénèse reflète une activation de la transcription

de l'ADN au niveau des hépatocytes entraînant une augmentation des différentes enzymes impliquées dans la conversion des acides aminés en glucose et glycogène. Le mécanisme par lequel le cortisol diminue l'utilisation du glucose par les cellules n'est en revanche pas connu. En conséquence de ces effets, un excès de cortisol augmente le glucose sanguin et diminue la sensibilité à l'insuline, alors qu'un déficit en cortisol prédispose à l'hypoglycémie.

c) Actions sur le métabolisme protidique

Le cortisol diminue l'utilisation des acides aminés pour la synthèse protéique à tous les niveaux sauf hépatique. Les réserves protéiques extrahépatiques sont diminuées et le taux d'acides aminés, dans le sang circulant, augmenté. Sous l'action du cortisol, l'utilisation extrahépatique des acides aminés décroît car ils ne sont plus incorporés dans cellules musculaires, d'où une réduction de la synthèse protéique. La poursuite de la protéolyse cellulaire entraîne une augmentation supplémentaire des acides aminés plasmatiques. Au niveau du foie, les taux plus élevés des acides aminés plasmatiques entraînent une amplification de leur incorporation dans les hépatocytes où ils sont utilisés pour la néoglucogenèse, la formation de glycogène et la synthèse des protéines.

Lors d'un déficit en cortisol, on n'observe pas d'augmentation mesurable de la synthèse protéique. En revanche, l'excès de cortisol est associé à une perte protéique progressive, une atrophie et une faiblesse musculaire, un amincissement de la peau et une perte de la matrice des os. La formation osseuse est réduite, le calcium est moins absorbé et plus excrété dans les urines.

d) Actions sur le métabolisme des graisses

Le cortisol augmente également la mobilisation des acides gras et du glycérol à partir du tissu adipeux, augmentant leurs concentrations sanguines et rendant le glycérol plus disponible pour la gluconéogenèse.

Les actions du cortisol sur le métabolisme lipidique ne sont pas exclusivement lipolytiques. Le cortisol provoque une redistribution des graisses qui disparaissent des membres pour aller s'accumuler au niveau de la face et du tronc. Le mécanisme responsable de cette redistribution corporelle des lipides n'est pas connu.

Les différents effets du cortisol sur le métabolisme intermédiaire contribuent donc au maintien du glucose sanguin en l'absence d'apport alimentaire ou lorsque la consommation est accrue à la suite d'un stress. Mais ces effets protecteurs se font au détriment des protéines et des lipides.

e) Actions sur le système circulatoire

Le cortisol est nécessaire au maintien de l'intégrité et de la réponse normale du système vasculaire, ainsi que du volume liquidien corporel.

En l'absence de cortisol, une vasodilatation anormale se produit si bien que, même sans perte liquidienne, le remplissage du lit vasculaire est réduit et la pression sanguine chute. De plus, la fonction rénale normale nécessite du cortisol. En son absence, la filtration glomérulaire diminue et l'eau n'est plus excrétée assez rapidement. Le cortisol possède également un effet minéralocorticoïde responsable en partie de la rétention du sodium et de l'excrétion du potassium. Bien que l'effet

minéralocorticoïde de l'aldostérone soit trois cents à six cents fois plus important que celui du cortisol, l'organisme sécrète, dans des circonstances normales, deux cents fois plus de cortisol que d'aldostérone. Il en résulte qu'une part substantielle de l'activité minéralocorticoïde globale provient du cortisol. Naturellement, lorsque la masse liquidienne corporelle ou la pression sanguine sont abaissées, le système rénine-angiotensine s'active pour stimuler la sécrétion d'aldostérone et non de cortisol car lorsque l'organisme a un besoin immédiat de minéralocorticoïdes, c'est l'aldostérone et non le cortisol qui remplit cette fonction.

f) Actions dans les réactions inflammatoires et immunitaires

Les réactions de l'organisme contre les substances étrangères ou les blessures font intervenir de multiples réponses immunitaires et inflammatoires. Le cortisol, d'une façon globale, bloque ces réponses. Ces effets peuvent être bénéfiques dans la mesure où ils réduisent la lésion et la tuméfaction tissulaires et accélèrent la résolution de la réaction inflammatoire et le processus de cicatrisation. Mais ils peuvent s'avérer néfastes si ces réactions de défense de l'organisme sont trop détériorées.

Le cortisol exerce ces actions par plusieurs types de mécanismes :

- stabilisation des membranes des lysosomes, si bien que les enzymes protéolytiques ne sont plus libérées ;
- diminution de la perméabilité des capillaires, d'où un moindre passage du plasma et des cellules vers les zones inflammées ;
- dépression de la phagocytose des leucocytes ;
- suppression de certaines populations de lymphocytes d'origine thymique.

Le concept que la fonction essentielle du cortisol est une protection contre les réactions normales de l'organisme au stress suggère que quelques-unes des enzymes dont la synthèse est induite par le cortisol pourraient détoxifier l'organisme de médiateurs libérés à la suite de la réponse au stress.

La plupart des effets anti-inflammatoires ne sont retrouvés que pour de fortes doses de cortisol. De nombreux analogues du cortisol ont été synthétisés et présentent un effet anti-inflammatoire beaucoup plus important. Ils sont largement utilisés en médecine dans de nombreuses maladies où se produit une réaction inflammatoire trop importante ou bien lorsqu'une réponse immunitaire doit être bloquée.

g) Action sur le système nerveux central

En plus de son action physiologique de rétrocontrôle négatif sur la sécrétion hypophysaire d'ACTH, le cortisol est capable de moduler la perception et l'émotion. Cela est plutôt observé en pathologie : dans les insuffisances surrénaliennes, les sens du goût, de l'ouïe et de l'odorat sont accentués alors que dans les hypercortisolismes, des troubles psychiques sont fréquemment retrouvés, pouvant se traduire par des états maniaques ou confusionnels, mais plus souvent par un état dépressif.

h) Actions sur le fœtus

Le cortisol est important pour la maturation de différents organes fœtaux et son rôle s'exerce également de façon permissive. Le cortisol intervient en particulier dans la maturation d'enzymes intestinales et dans plusieurs processus de la fonction pulmonaire, dont la synthèse d'un phospholipide nécessaire au maintien de la tension de surface alvéolaire.

D. Minéralocorticoïdes

Le principal minéralocorticoïde est l'aldostérone qui est produite par la zone glomérulée externe de la surrénale. Sa sécrétion est essentiellement sous le contrôle de l'angiotensine et, à un degré moindre, de la kaliémie et de l'ACTH. En son absence, l'équilibre hydroélectrolytique de l'organisme est profondément altéré, quoique, si le cortisol est normalement présent, ce dernier soit capable d'exercer un effet minéralocorticoïde suffisant pour prévenir une déplétion liquidienne progressive.

1. Régulation de la sécrétion des minéralocorticoïdes

a) Le système rénine-angiotensine

Comme la principale fonction de l'aldostérone est de contrôler le volume liquidien corporel en augmentant la réabsorption du sodium par les reins, il est normal que le principal stimulus de la synthèse et de la sécrétion de l'aldostérone provienne des reins (fig. 6).

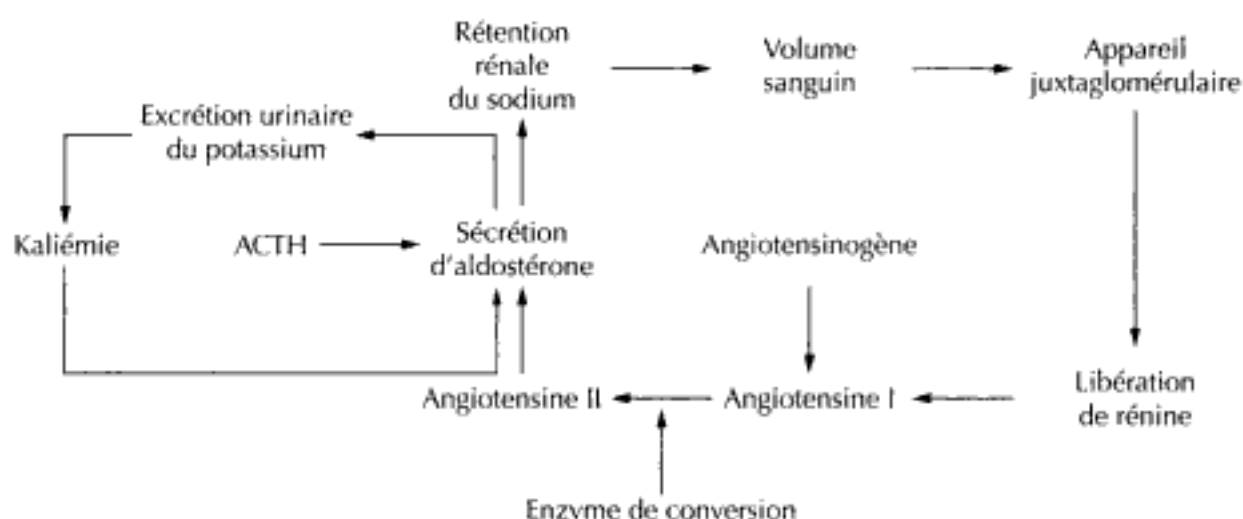


Figure 6. Biosynthèse des catécholamines

L'appareil juxtaglomérulaire se compose de cellules myoépithéliales modifiées situées au niveau des artérioles rénales afférentes et contiguës à la *macula densa* du tubule distal. Ces cellules synthétisent et sécrètent une enzyme protéolytique, la rénine, qui libère un peptide de dix acides aminés, l'angiotensine I, à partir de son substrat protéique, l'angiotensinogène. L'angiotensine I n'est pas active. Mais, sous l'action de l'enzyme de conversion de l'angiotensine (enzyme retrouvée dans tout l'organisme et provenant des cellules endothéliales de la paroi des vaisseaux sanguins), elle est rapidement transformée en peptide de huit acides aminés très actif, l'angiotensine II.

L'angiotensine II exerce principalement deux actions : l'une directe comme vasoconstricteur artériolaire, l'autre comme agent stimulant de la sécrétion d'aldostérone. Ces deux actions, de concert, assurent le maintien de la pression et du volume vasculaire dans la circulation artérielle. Elles constituent le principal soutien au système vasculaire en cas de perte de liquide ou de chute de la pression sanguine.

b) Stimuli libérant la rénine

Le principal stimulus déclenchant la libération de la rénine est une diminution de la pression sanguine au niveau des artérioles rénales afférentes, fonctionnant comme des barorécepteurs au niveau du système juxtaglomérulaire. Dès que se produit une chute soit du volume sanguin systémique, soit de la pression sanguine entraînant une diminution de la pression de perfusion rénale, la rénine est sécrétée. D'autres facteurs peuvent également stimuler la sécrétion de rénine. Il s'agit notamment de la concentration en sodium et en potassium au niveau de la *macula densa*, de la concentration plasmatique en électrolytes et de la concentration en angiotensine II circulante par un rétrocontrôle court. Certains de ces facteurs agissent en stimulant les nerfs sympathiques rénaux qui innervent l'appareil juxtaglomérulaire.

c) Autres stimuli de la sécrétion d'aldostérone

Toutes les actions de la rénine se font par l'intermédiaire de la production d'angiotensine II qui est le principal stimulus de la synthèse d'aldostérone. La stimulation se produit à différents niveaux de la voie de synthèse.

Le taux plasmatique de potassium et l'ACTH stimulent également l'aldostérone. Il apparaît normal que le potassium agisse puisque l'un des principaux effets de l'aldostérone est d'augmenter l'excrétion rénale du potassium. Lorsque la kaliémie augmente brutalement, comme après un repas contenant des aliments riches en potassium, la sécrétion d'aldostérone est stimulée, agissant ainsi sur les reins pour éliminer la charge potassique excessive. Cependant, les effets de l'aldostérone sur le rein pour augmenter la rétention de sodium et l'excrétion de potassium ne se produisent qu'après au moins une heure. Il existe donc d'autres phénomènes plus rapides permettant d'éliminer une entrée potassique massive dans la circulation puisque des taux plasmatiques élevés de potassium peuvent être responsables de troubles graves. L'un d'eux fait intervenir le transfert rapide du potassium du milieu extracellulaire dans les cellules grâce aux effets combinés de l'insuline et de l'adrénaline sur le transport potassique à travers les membranes cellulaires.

L'action de l'ACTH sur la sécrétion d'aldostérone est puissante mais brève. Bien que le rôle physiologique de l'ACTH sur la production d'aldostérone soit limité, la zone glomérulée des surrénales s'atrophie lors des déficits en ACTH et devient moins apte à répondre aux autres stimuli.

d) Sécrétion physiologique de l'aldostérone

L'aldostérone est un minéralocorticoïde si actif que ses effets se produisent pour de très petites quantités d'hormone. Seuls 50 à 200 mg d'aldostérone sont normalement produits chaque jour par l'organisme. Comme il n'existe pas de protéine plasmatique liant spécifiquement ce stéroïde, il y a très peu d'aldostérone circulante liée. Les concentrations plasmatiques sont d'environ 100 pg/ml. La sécrétion peut être augmentée de deux à six fois par une déplétion sodée ou même plus encore lors d'une diminution persistante du volume sanguin artériel comme dans la cirrhose du foie avec ascite et œdèmes importants.

c) Métabolisme de l'aldostérone

L'aldostérone est métabolisée principalement dans le foie en un dérivé tétrahydro-géné qui est excrété dans l'urine sous forme de glucuronide. Une partie de l'aldostérone est excrétée non métabolisée et également sous forme de glucuronide. Cette fraction est labile en milieu acide, représente à peu près 10 % de la sécrétion totale et correspond à la fraction habituellement mesurée. La sécrétion urinaire normale d'aldostérone varie de 5 à 20 µg/jour.

2. Fonctions des minéralocorticoïdes

a) Réabsorption rénale du sodium

L'action principale de l'aldostérone consiste à augmenter la réabsorption du sodium au niveau des tubules distaux. Pour ce faire, elle se lie tout d'abord à des récepteurs cytosoliques, puis les complexes hormones-récepteurs sont transférés dans le noyau où ils induisent, au niveau de portions spécifiques d'ADN, la formation d'ARN messagers qui, à leur tour, augmentent la synthèse d'enzymes intervenant dans le transport transmembranaire du sodium. L'ensemble de ces processus se déroule en trente à soixante minutes, période donc nécessaire pour que les effets de l'aldostérone soient détectables.

Comme l'aldostérone augmente la réabsorption active du sodium, un gradient électrochimique s'établit, facilitant le transfert passif du potassium des cellules tubulaires vers l'urine. Il en résulte que l'excrétion du potassium n'est pas un échange direct avec le sodium mais se fait d'une façon qui dépend directement de la réabsorption active du sodium. Si tout le sodium est déjà réabsorbé au niveau des tubules proximaux comme c'est le cas dans les hypovolémies sévères, seule une faible fraction pourra parvenir sur les sites de réabsorption distaux. Il en résulte alors, malgré des taux élevés d'aldostérone, que l'excrétion potassique sera minimale en l'absence d'approvisionnement en sodium des tubules distaux. D'autre part, un régime riche en sodium entraînera une augmentation de l'excrétion potassique. Cela est particulièrement vrai si le sujet reçoit un diurétique qui bloque en partie la réabsorption tubulaire du sodium, entraînant une augmentation de la concentration en sodium au niveau des sites de réabsorption distaux.

Lorsque le sodium est réabsorbé au niveau du rein, une quantité équivalente d'eau est également réabsorbée, assurant ainsi une concentration normale de sodium dans le liquide extracellulaire. Si la quantité d'eau réabsorbée n'est pas suffisante, la concentration en sodium s'élève et l'augmentation de la pression osmotique déclenche la sécrétion d'hormone antidiurétique qui va augmenter, d'une part, la réabsorption rénale de l'eau et, d'autre part, la prise de liquide en stimulant la sensation de soif.

b) Phénomène d'échappement

Dans des conditions usuelles de faible déplétion sodée conduisant à une augmentation de la sécrétion d'aldostérone, le volume liquidien extracellulaire s'accroît au fur et à mesure que le sodium est réabsorbé. Lorsque l'augmentation de volume est suffisante pour suppléer la diminution qui a déclenché le phénomène, le mécanisme s'arrête. Dans certains cas, comme lors d'une fuite persistante de

Physiologie de la thyroïde

M.-L. PIKETTY, L. KRAOUL, K. TABAOUTI

Laboratoire de biologie, Centre hospitalier Sainte-Anne, Paris.

- I. Anatomie**
- II. Histologie**
- III. Embryologie**
- IV. Biosynthèse des hormones thyroïdiennes**
 - A. Apport et métabolisme de l'iode
 - B. Captation des iodures par les thyrocytes
 - C. Synthèse de la thyroglobuline (Tg)
 - D. Oxydation des iodures et iodation de la Tg : organification de l'iode
 - E. Couplage des radicaux iodotyrosines
 - F. Stockage, libération des hormones et sécrétion
 - G. Recyclage intrathyroïdien de l'iode
- V. Régulation de la biosynthèse et de la sécrétion**
 - A. La régulation hypothalamo-hypophysaire, TRH-TSH
 - B. Effet de l'iode sur la biosynthèse des hormones thyroïdiennes
- VI. Les hormones thyroïdiennes circulantes**
- VII. Catabolisme des hormones thyroïdiennes**
- VIII. Mécanisme d'action des hormones thyroïdiennes**
 - A. Transport intracellulaire et désiodation
 - B. Action au niveau nucléaire
- IX. Effets biologiques des hormones thyroïdiennes**
 - A. Action des hormones sur la synthèse et la sécrétion de TSH
 - B. Action sur le développement (croissance et différenciation)
 - C. Action de régulation de l'activité métabolique
 - D. Actions viscérales
- X. Variations physiologiques**
 - A. Âge
 - B. La grossesse
 - C. Rythme circadien

- Achèvement de la méiose ovocytaire :
 - formation du pronucléus femelle ;
 - expulsion du deuxième globule polaire.
- Formation du pronucléus mâle.

d) Restauration de la diploïdie

- Environ dix heures après la pénétration du spermatozoïde, le pronucléus mâle migre vers son homologue femelle. Ils fusionnent et, à la vingtième heure, la diploïdie est établie.
- Vers la 35^e heure, l'œuf est au stade 2 blastomères.

4. Migration

C'est le transport de l'œuf dans la trompe depuis le site de fécondation jusque dans l'utérus (fig. 1).

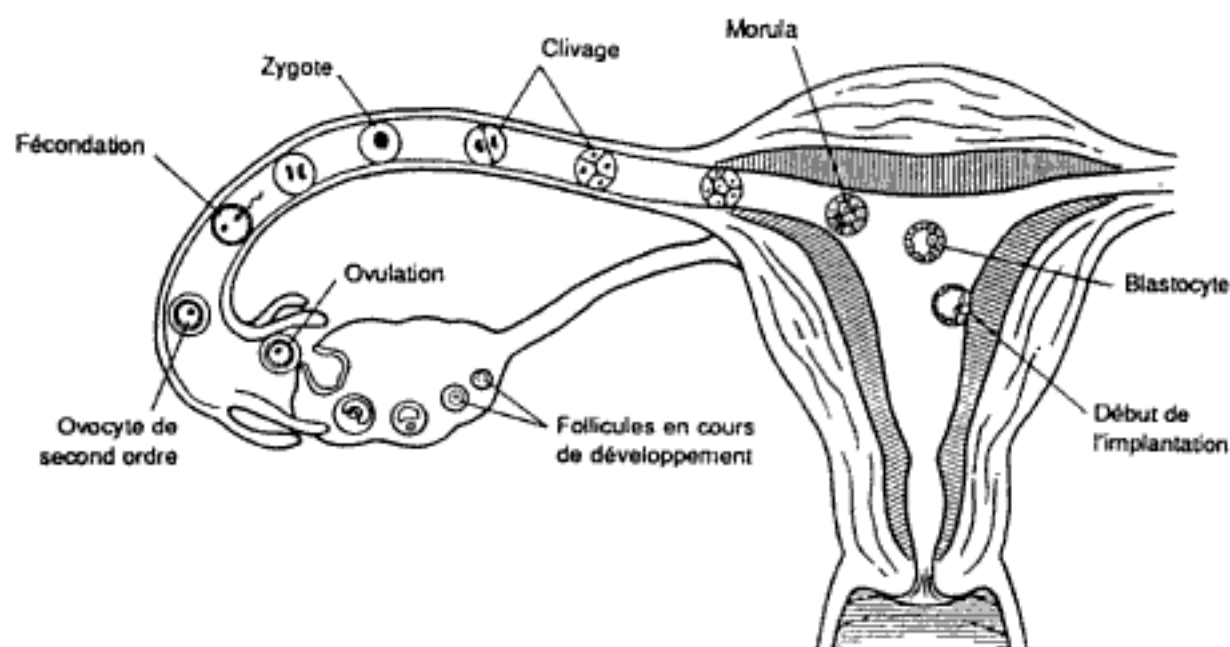


Figure 1. La migration tubaire, l'évolution et l'implantation utérine de l'œuf dans l'espèce humaine (d'après « Anatomie et physiologie humaines, cours et problèmes », Van de Graaf et Rhees, Mac-Graw Hill, Paris, 1989 p. 313)

Trois types de facteur influencent la migration :

- les mouvements ciliaires de l'épithélium tubaire orientés vers l'utérus, qui sont les éléments essentiels ;
- l'activité musculaire tubaire ;
- les mouvements du liquide tubaire qui semblent orientés de l'utérus vers le pavillon. La diminution de ce flux facilite la migration.

On décrit deux étapes : la stagnation et le passage de l'isthme.

a) Stagnation

Elle a lieu dans l'ampoule pendant environ 48 heures au cours desquelles l'embryon va passer du stade à deux cellules au stade à huit cellules ou blastomères (morula) sans augmentation de volume.

b) Passage de l'isthme

- La progestérone augmente progressivement en entraînant une levée de ce « spasme physiologique » et une augmentation des mouvements ciliaires.
- Cela aboutit au passage de l'isthme en dix à douze heures, possible par une augmentation de la contraction des fibres musculaires lisses et des mouvements ciliaires, et par une diminution, voire une inversion, du flux du liquide tubaire. L'œuf libre arrive au stade de huit à seize blastomères dans l'utérus, trois ou quatre jours après la fécondation.

C. Nidation ou ovo-implantation

Elle marque le début de la gestation.

1. Définitions

- *Nidation anatomique* : il s'agit de la pénétration active et complète de l'œuf fécondé dans un endomètre préparé pour cela.
- *Nidation physiologique* : il s'agit de la mise en place de relations fonctionnelles étroites de l'œuf avec l'organisme maternel. La nidation est terminée et réussie quand les relations vasculaires qui marquent le début de la formation du placenta sont établies.

2. Phénomènes préparatoires

- L'œuf réalise sa migration tubaire en quelques jours puis reste libre deux jours dans la cavité utérine. Dans un œuf de 58 cellules, appelé « morula » et âgé de 96 heures, commence à apparaître une cavité centrale, le blastocèle, bordée par une couche unicellulaire, le trophoblaste. Ce dernier va se différencier en cytotrophoblaste et syncytiotrophoblaste. Il se développe parallèlement au bouton embryonnaire comprenant des petites cellules endodermiques et des grandes cellules ectodermiques et la cavité amniotique. Le blastocyte (ou blastocyste) se forme.
- La cavité utérine : l'endomètre doit avoir subi la préparation prénidatoire œstro-progestative vers les 19^e-20^e jours.

3. Nidation proprement dite

Elle siège le plus souvent au tiers supérieur de la cavité utérine, dans la partie fundique postérieure qui est la partie la plus vascularisée. Le bouton embryonnaire se met en contact avec l'endomètre. Les microvillosités en provenance de l'œuf et des cellules endométriales s'interpénètrent alors étroitement. La rupture des membranes cellulaires de l'endomètre et du trophoblaste réalise une fusion des cytoplasmes par avancée du trophoblaste qui érode l'épithélium et pénètre ensuite le chorion. Puis le trophoblaste pénètre les vaisseaux maternels dont la lumière est bordée de trophoblaste syncytial qui a remplacé en partie l'endothélium vasculaire.

Enfin, intervient la période lacunaire, du neuvième au douzième jour, caractérisée par l'apparition dans le trophoblaste de zones d'amincissement, les lacunes trophoblastiques, qui forment l'espace intervilleux et qui contiennent des globules rouges maternels provenant de la perforation du réseau capillaire maternel. C'est le début de la circulation utéro-placentaire. Le disque embryonnaire est alors didermique.

Hidden page

La posologie est de 0,3 µg/kg en IV lente immédiatement avant le geste chirurgical ou en cas d'accident hémorragique. L'administration peut être répétée toutes les douze heures. Voie IN : une pulvérisation pour un poids < 50 kg ou deux pulvérisations si ≥ 50 kg.

Précautions : hypertension artérielle, insuffisance coronarienne (réduire les posologies).

Effets indésirables : *intoxication par l'eau* avec hyponatrémie (imposer impérativement une restriction hydrique à 750 ml/jour), hypotension artérielle transitoire, céphalées, nausées, crampes abdominales, flush, tachycardie.

C. Traitements associés

Ils sont la conséquence de la morbidité de la pathologie :

- antalgiques : paracétamol (l'aspirine est formellement contre-indiquée) ;
- corticothérapie lors d'accidents graves ;
- antifibrinolytiques lors d'hémorragies de la cavité buccale ou digestive (retardent la lyse du caillot fragile) ;
- immobilisation en cas d'hémarthroses, associée à la kinésithérapie ;
- chirurgie : prothèses.

D. Thérapie génique : l'avenir ?

La thérapie génique consiste à introduire un matériel génétique étranger dans une cellule (c'est-à-dire une transfection) à des visées thérapeutiques. Dans les cas des hémophilies A et B, cela consiste à remplacer et/ou à corriger le défaut moléculaire portant sur le gène du FVIII ou du FIX. Les vecteurs étudiés sont essentiellement des virus (adénovirus, rétrovirus, lentivirus). En pratique, les virus sont déplétés de leur virulence. Le gène d'intérêt y est introduit et le patient est infecté par ce virus. Quelques méthodes physiques de transfection ont été étudiées sans succès (injection directe du gène, encapsulation du gène dans des liposomes, transfert grâce à des récepteurs). Théoriquement, il existe deux approches :

- méthode *ex vivo* : des cellules isolées à partir du patient sont transfectées *in vitro* (un gène étranger y est introduit grâce à un vecteur), puis lui sont réinjectées. Cette méthode permet une bonne maîtrise des conditions de transfection et évite d'injecter des virus au patient ;
- méthode *in vivo* : elle a l'avantage d'éliminer les problèmes liés à la réimplantation des cellules chez le patient (infections, cellules modifiées *in vitro*), mais nécessite l'injection d'un vecteur contenant le matériel génétique dans la circulation sanguine ou à proximité du tissu cible (foie).

L'hémophilie sévère est une bonne cible potentielle pour la thérapie génique, puisqu'un seul gène est mis en cause : un simple défaut induit des taux effondrés, qu'il suffirait de remonter de très peu pour changer de façon spectaculaire la vie du patient (deux patients ayant des taux respectifs de 1 et 2 % ont deux maladies *totale*ment différentes : hémophilies sévère et modérée !). Les essais cliniques chez l'homme concernent quelques cas non suffisants pour juger l'efficacité ou la toxicité du système. La thérapie génique suscite d'énormes intérêts.

V. Aspects génétiques

A. Diagnostic des conductrices

1. Enquête génétique

Elle est primordiale et comprend l'établissement d'un arbre généalogique le plus étendu possible. Il fait apparaître deux types de conductrices :

- les conductrices obligatoires (portant un chromosome X anormal) :
 - filles d'hémophile,
 - femmes ayant au moins deux enfants hémophiles,
 - femmes ayant un enfant hémophile avec des antécédents familiaux d'hémophilie ;
- les conductrices potentielles :
 - sœurs d'hémophile (probabilité de 50 %),
 - filles de conductrices obligatoires (probabilité de 50 %),
 - cousines germaines d'hémophile (probabilité de 12,5 %), etc.

2. Étude du phénotype

Jusqu'aux progrès de la génétique, le diagnostic des conductrices était uniquement fondé sur l'étude du phénotype des conductrices potentielles :

- pour l'hémophilie A, par détermination du rapport FVIII:C/VWF:Ag : si ce rapport était inférieur à 0,6 ou 0,7, le diagnostic était en faveur du statut de conductrice. Un tiers seulement des conductrices d'hémophilie A présentent un taux de FVIII:C compris entre 15 et 50 %. Cependant, de grandes variations inhérentes aux méthodes de dosage, à la période du cycle menstruel lors du prélèvement et enfin à l'inactivation aléatoire du chromosome X (lyonisation) existent chez les femmes. Cette méthode ne permet donc pas de porter un diagnostic dans la moitié des cas et, dans tous les cas, le résultat est rendu avec une probabilité calculée ;
- pour l'hémophilie B, par détermination du rapport FIX:C-FIX:Ag : ce diagnostic est fondé sur le même principe que le précédant, avec les mêmes limites.

3. Étude du génotype

Elle permet d'apporter un diagnostic de certitude. L'existence de néomutations, la possibilité de mosaïcisme et les questions de paternité restent toujours à considérer. Deux stratégies sont possibles.

a) Analyse directe par identification de l'anomalie moléculaire responsable de l'hémophilie chez la conductrice potentielle

Cette stratégie, appliquée à une famille donnée, suppose que l'anomalie soit identifiée dans cette famille chez un cas index. C'est cette stratégie qui est désormais suivie dans les pays occidentaux. Elle peut cependant être longue et complexe car

il existe une grande variété de défauts moléculaires à l'origine de l'hémophilie et les gènes codant le FVIII et le FIX sont de grande taille : 186 kilobases (kb) pour le gène du FVIII et 34 kb pour le gène du FIX.

L'hémophilie A : dans environ 40 % des cas, l'hémophilie A sévère est liée à une même *micro-inversion* d'un segment télomérique du chromosome X interrompant le gène du FVIII, par recombinaison de séquences homologues, dont l'une est située dans l'*intron* 22 du gène du FVIII (*figure*). À rechercher en première intention dans l'hémophilie A sévère.

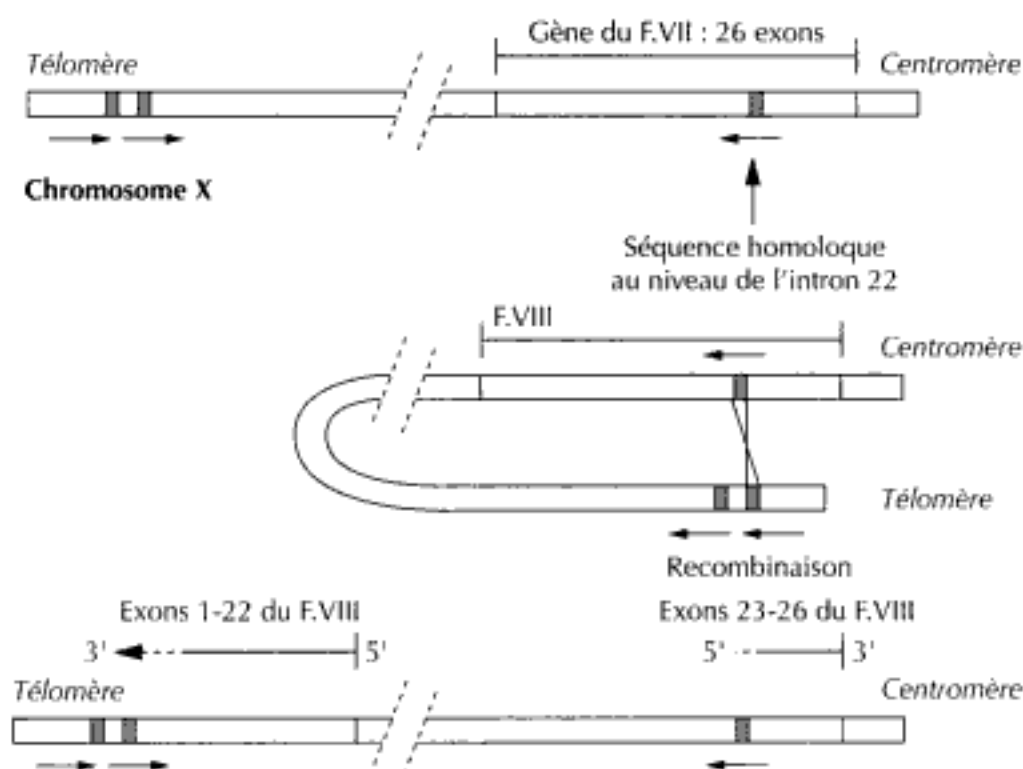


Figure 1. Micro-inversion dans l'intron 22 du gène du FVIII

Autres cas : la stratégie est complexe du fait de l'hétérogénéité des anomalies. Cinq pour cent des formes sévères de l'hémophilie A sont liées à une délétion, 45 % environ à une mutation ponctuelle : mutations non-sens (codons STOP), mutations responsables de décalage de phase de lecture, anomalies d'épissage, innombrables mutations faux-sens... Les formes modérées et atténuées sont le plus souvent liées à des mutations faux-sens.

L'hémophilie B : identification de mutations ponctuelles dans la majorité des cas, délétions, insertions, etc.

b) Analyse indirecte par étude des polymorphismes de longueur de fragments de restriction ou RFLP

Cette stratégie est réservée aux cas pour lesquels l'anomalie moléculaire reste inconnue. Dans une affection héréditaire, le principe de l'analyse indirecte est de trouver, dans chaque famille, un polymorphisme intragénique, de préférence, ou extragénique situé le plus près possible du gène en cause, marqueur permettant de reconnaître le chromosome portant le gène délétère et de suivre la manière dont il ségrège dans la famille étudiée. L'anomalie moléculaire reste, dans ce cas, ignorée.

Hidden page

Le traitement substitutif standard comprend deux types de produits : les dérivés plasmatiques et les molécules recombinantes. Les complications liées au traitement sont essentiellement immunologiques : après une ou plusieurs substitutions, 15 à 30 % des hémophiles A sévères et seulement 3 à 5 % des hémophiles B sévères développent un anticorps dirigé contre le facteur perfusé (anticoagulant circulant anti-FVIII ou anti-FIX) encore appelé « inhibiteur ». Dans les formes modérées, il est également possible d'utiliser la DDAVP.

Le diagnostic des conductrices d'hémophilie fait appel à une enquête génétique et à une étude du génotype par l'analyse directe du gène ou par RFLP. Dans l'hémophilie A sévère, environ 40 % des cas sont liés à une même micro-inversion dans l'intron 22 du gène du FVIII, qui est donc à rechercher en première intention.

Pour en savoir plus

- GREHCO (Groupe de recherche et d'études de l'hémophilie du Centre et de l'Ouest). *Le traitement de l'hémophilie*. Paris, Flammarion Médecine-Sciences, 2002.
- C. Négrier. « Hémophilies A et B » in *Hémorragies et thromboses*. Paris, Masson, 2004.

Maladie de Willebrand

V. DESPLAT, Laboratoire d'hématologie, Faculté de pharmacie,
Bordeaux-II.

I. Facteur de Willebrand

II. Génétique

III. Classification

- A. Type 1
- B. Type 2
- C. Type 3

IV. Variations physiopathologiques

V. Manifestations cliniques

VI. Diagnostique biologique

- A. Tests de routine d'hémostase
- B. Tests spécifiques
- C. Tests discriminatifs

VII. Diagnostic différentiel

- A. Sujet normal de groupe sanguin O
- B. Hémophilie A
- C. Syndrome de Willebrand acquis

VIII. Traitement

- A. DDAVP ou desmopressine (Minirin IV®)
- B. Traitement substitutif

Décrite en 1926 par Erik von Willebrand, la maladie de Willebrand est la plus fréquente des pathologies héréditaires hémorragiques (prévalence mondiale supérieure à 1 %). Son mode de transmission est autosomique, le plus souvent dominant. Elle est liée à une anomalie quantitative ou qualitative d'un facteur de coagulation, le facteur de Willebrand (vWF, von Willebrand factor). Cette protéine a deux fonctions dans l'hémostase : d'une part, elle permet l'adhésion des plaquettes au sous-endothélium lésé et leur agrégation et, d'autre part, elle assure le transport et la protection du facteur VIII dans le plasma. L'anomalie porte donc sur l'hémostase primaire et sur la coagulation.

Cette maladie est hétérogène dans son expression clinique, phénotypique et génotypique. Il existe plusieurs principaux groupes de déficits en facteur Willebrand : soit un déficit quantitatif partiel (type 1) ou total (type 3), soit un déficit qualitatif regroupant de nombreux sous-types (variants de type 2). La caractérisation précise des différents types est indispensable pour déterminer la prise en charge thérapeutique.

I. Facteur de Willebrand

Le gène du vWF, localisé sur le bras court du chromosome 12, est un très grand gène de 180 kD contenant 52 exons et présentant un grand polymorphisme. Il est exprimé uniquement dans les cellules endothéliales et les mégacaryocytes. Le facteur de vWF est tout d'abord synthétisé sous la forme d'un précurseur de 2 813 aa qui après clivage du peptide signal donne naissance au provWF. Le vWF mature est une glycoprotéine constituée de multimères de 500 à 20 000 kDa formés par l'association de sous-unités identiques de 270 kD. Il est stocké dans les granules α (alpha) des plaquettes et dans les grains de Weibel-Palade des cellules endothéliales. Il est sécrété dans le plasma et le sous-endothélium vasculaire.

Le vWF a deux fonctions essentielles. La première, dans l'hémostase primaire où il permet l'adhésion et l'agrégation plaquettaire en établissant un pont entre les structures sous-endothéliales lésées et les glycoprotéines de la membrane plaquettaire. La seconde, dans la coagulation où il assure le transport du facteur VIII (facteur antihémophilique A) dans le sang circulant au site de la lésion vasculaire. En se liant au facteur VIII, il le protège d'une dégradation enzymatique augmentant ainsi sa durée de vie dans le plasma.

II. Génétique

La maladie de Willebrand est une maladie héréditaire dont la transmission est autosomale. Elle est le plus souvent dominante et les patients ont 50 % de risque de transmettre la maladie à leurs enfants (types 1 et 2). Chez les patients atteints de la forme sévère (type 3), la transmission se fait selon le mode récessif. La transmission paraît également récessive chez certains variants moléculaires.

III. Classification

Trois grands types de maladie de Willebrand sont reconnus.

A. Type 1

Il se caractérise par un déficit quantitatif partiel en vWF. Il représente 70 à 80 % des patients atteints de maladie de Willebrand. Il est de transmission autosomale dominante.

B. Type 2

Il se caractérise par une anomalie qualitative du vWF. Il représente 15 à 20 % des cas et comporte de nombreux variants ou sous-types. Il est de transmission autosomale dominante, sauf pour certains sous-types où elle est autosomale récessive. Il existe quatre grands variants moléculaires qui sont dus soit à une anomalie d'interaction du vWF avec les plaquettes (sous-types 2A, 2B, 2M) soit à une anomalie d'interaction du vWF avec le facteur VIII (sous-type 2N) :

- le sous-type 2A représente 10 % de tous les types de maladie de Willebrand et 75 % des variants de type 2. Il se caractérise par une diminution de l'affinité du vWF pour les plaquettes, liée à l'absence de multimères de haut poids moléculaires et est de transmission dominante ;
- le sous-type 2B présente une augmentation de l'affinité du vWF pour la GPIIb (agrégation plaquettaire en présence de faibles doses de ristocétine), une liaison spontanée des multimères de haut PM aux plaquettes *in vivo* (thrombopénie et multimères de haut PM absents du plasma). Il est à transmission dominante ;
- le sous-type 2N (« N » pour « Normandie ») montre une diminution de l'affinité du vWF pour le facteur VIII, une mutation au niveau du site de fixation du vWF et un déficit modéré en facteur VIII avec des taux de vWF normaux. Il est à transmission récessive ;
- le sous-type 2M (« M » pour « multimères ») affiche quant à lui une diminution de l'interaction du vWF avec les plaquettes mais distribution plasmatique des multimères normales.

C. Type 3

Il se caractérise par un déficit quantitatif total en vWF et un taux de facteur VIII très diminué. C'est la forme la plus rare (1 à 5 % des cas) et la plus sévère. Elle est de transmission autosomale récessive.

IV. Variations physiopathologiques

La concentration plasmatique normale du vWF est de l'ordre de 10 µg/ml (= 100 %) mais, d'un individu à un autre, elle peut varier de 40 à 240 %. Une aug-

mentation physiologique de ce taux peut apparaître dans différentes situations comme l'âge, le stress, l'exercice physique, la grossesse, un syndrome inflammatoire, rendant le diagnostic difficile dans les formes frustes de la maladie (type 1 et quelques types 2). Le diagnostic peut aussi être délicat chez les sujets de groupe sanguin O qui ont un taux de vWF 25 à 35 % plus faible que ceux des autres groupes.

V. Manifestations cliniques

D'expression clinique très hétérogène, la maladie de Willebrand se caractérise principalement par des hémorragies muqueuses (épistaxis, gingivorragies, règles abondantes chez la femme, hémorragies gastro-intestinales) et cutanées (ecchymoses, saignements prolongés lors de coupures ou de plaies). Les manifestations cliniques sont spontanées ou provoquées par un traumatisme. Les saignements post-traumatiques ou chirurgicaux notamment lors d'extraction dentaire ou d'amygdalectomie sont particulièrement fréquents. La maladie de Willebrand de type 3 se manifeste par des accidents hémorragiques sévères dès la petite enfance. Elle ressemble à une maladie hémophilique avec apparition d'hématomes musculaires et parfois de saignements dans l'articulation (hémarthroses) lorsque l'enfant commence à se déplacer.

Chez les femmes avec une maladie de Willebrand modérée (type 1), les taux de facteur de Willebrand se normalisent fréquemment pendant la grossesse et au moment de l'accouchement. En revanche, dans le post-partum, les taux de vWF et de facteur VIII s'abaissent rapidement. Cette période nécessite une surveillance attentive dans les sept à dix jours après l'accouchement. Dans la forme grave et les variants moléculaires, les taux de vWF restent abaissés durant la grossesse.

VI. Diagnostic biologique

Le diagnostic biologique fait appel à plusieurs niveaux de tests spécialisés qui permettent d'établir le phénotype biologique précis indispensable à la prise en charge thérapeutique. La diversité des examens et les antécédents familiaux du patient permettent d'affirmer le diagnostic.

A. Tests de routine d'hémostase

- Numération des plaquettes : taux de plaquettes normal sauf dans le type 2B qui présente une thrombopénie d'importance variable.
- Temps de saignement (TS) allongé selon la méthode d'Ivy (mais parfois normal chez certains malades).
- Temps de céphaline activé (TCA) allongé (lors d'un déficit important en facteur VIII) ou normal.

- Temps de Quick, temps de thrombine et fibrinogène normaux.

Le temps d'occlusion réalisé par l'automate PFA100 (analyseur de la fonction plaquettaire) est anormal dans tous les types sauf le type 2N. Les tests de routine sont nécessaires mais insuffisants pour porter un diagnostic, il faut faire appel à des tests spécifiques.

B. Tests spécifiques

- Dosage du facteur VIII (FVIII:C) : diminution des taux du facteur VIII variable en fonction du type mais nette dans les types 3 et 2N.
- Dosage de l'activité cofacteur de la ristocétine du vWF (vWF:Rco) : la ristocétine est un antibiotique qui permet l'interaction du vWF avec le GPIb. Diminution des taux de vWF:Rco dans tous les types. Critère de choix pour le diagnostic.
- Dosage immunologique du vWF (vWF:Ag) : diminution de l'antigène Willebrand.

C. Tests discriminatifs

D'autres tests étudiant la structure et la fonction du vWF permettent de préciser le type et le sous-type de maladie de Willebrand. Ils sont réservés à des laboratoires spécialisés :

- étude de l'agrégation et de l'activité plaquettaire en présence de ristocétine : l'agrégation plaquettaire induite par la ristocétine (RIPA) dépend de la concentration de vWF et de l'affinité du vWF pour la GPIb (voir *tableau 1*) ;
- étude de la distribution des multimères du vWF : elle est déterminée par électrophorèse du plasma dans un gel d'agarose contenant un agent dissociant afin de séparer les multimères qui seront ensuite révélés par un anticorps spécifique (voir *tableau 1*) ;
- il existe également des tests très spécialisés étudiant la liaison du vWF aux plaquettes, au collagène ou au facteur VIII. L'analyse de l'ADN peut également être réalisée afin de mettre en évidence des mutations dans le gène vWF.

Tableau 1. Les différents sous-types de la maladie de Willebrand et leurs caractéristiques biologiques

TESTS	Type 1	Type 2A	Type 2B	Type 2M	Type 2N	Type 3
TS	allongé	allongé	allongé	allongé	normal	très allongé
F VIIIc	normal ou diminué	normal ou diminué	normal ou diminué	normal ou diminué	diminué	très diminué
vWF:Ag	diminué	diminué	diminué	diminué	normal	< 1 %
vWF:RCo	diminué	très diminué	très diminué	diminué	normal	< 1 %
(RIPA)*	normale ou diminuée	nulle ou très diminuée	augmentée	diminuée	normale	nulle
Multimères dans le plasma	normaux	absence des formes intermédiaires et de haut poids moléculaires	absence des formes de haut poids moléculaires	normaux	normaux	absents

* Agrégation plaquettaire en présence de ristocétine.

Hidden page

VIII. Traitement

Le but du traitement est de corriger les anomalies de l'hémostase primaire et de la coagulation soit pour arrêter l'hémorragie soit à titre préventif en cas d'intervention chirurgicale. Le traitement est différent en fonction du type et de la gravité de la maladie, de l'importance du saignement et du temps pendant lequel il sera nécessaire de corriger l'anomalie. Différentes méthodes doivent être utilisées et sont souvent suffisantes en fonction du lieu de saignement : compression locale, méchage résorbable d'un épistaxis, utilisation d'une colle biologique après avulsion dentaire, traitement hormonal en cas de ménorragies abondantes. Deux stratégies thérapeutiques sont actuellement possibles.

A. DDAVP ou desmopressine (Minirin IV®)

Injecté par voie intraveineuse à une dose de 0,3 µg/kg, cet analogue synthétique de la vasopressine provoque la libération de facteur de Willebrand à partir des cellules endothéliales et de facteur VIII dans la circulation. Le patient doit synthétiser un certain taux de vWF qualitativement normal. Ainsi, ce traitement ne peut être utilisé dans les formes sévères de type 3. Son utilisation est variable chez les patients de type 2 en fonction du sous-type. Elle est rarement efficace pour les sous-types 2A et 2M. Elle est contre-indiquée dans le sous-type 2B. En effet, la DDAVP a tendance à provoquer une agrégation des plaquettes responsable d'une thrombopénie. La réponse est satisfaisante mais brève pour le sous-type 2N. Une étude de la réponse à la DDAVP doit être réalisée chez chaque patient lors du diagnostic ou une semaine avant la chirurgie afin de savoir si la correction de l'hémostase est satisfaisante. La DDAVP est généralement le traitement de choix pour les patients de type 1 et dits « bons répondeurs ». La réponse à la DDAVP est rapide mais transitoire. Les effets secondaires sont rares : rétention hydrique, vasodilatation modérée pouvant apparaître et se traduisant par un flush facial, une tachycardie ou des céphalées. Elle est contre-indiquée chez la femme enceinte ou en cours d'allaitement, chez l'enfant de moins de 2 ans et dans le cas d'une hypersensibilité à l'un des constituants. Ce médicament existe également en spray nasal utilisable à domicile pour les petits saignements et se nomme alors Octim®.

B. Traitement substitutif

Le traitement substitutif est utilisé lors de traumatismes importants ou lors de chirurgie avec un risque hémorragique non négligeable ou encore en cas de contre-indication à la desmopressine. Il repose sur la perfusion de concentré purifié de facteur Willebrand. Il existe actuellement deux types de concentré disponible :

- *vWF et facteur VIII plasmatique humain (Wilstart®)*. Il est spécifiquement indiqué dans la phase initiale de la maladie de Willebrand quand le traitement par la desmopressine est inefficace ou contre-indiqué. Si le patient présente un déficit en facteur VIII et qu'il doit être traité en urgence, le Wilstart® permettra la correction immédiate des taux de vWF et facteur VIII. La posologie est en général de 40 à 60 UI/kg de vWF et de 20 à 40 UI/kg de facteur VIII. L'administration se fait exclusivement par voie intraveineuse. Le traitement est poursuivi si nécessaire par du vWF seul ;

- *facteur Willebrand seul (Wilfactin®)*. Il est utilisé dans le traitement et la prévention des hémorragies et en cas d'intervention chirurgicale (12 à 24 heures avant). Son administration se fait par voie intraveineuse à une posologie de 40 à 80 UI/kg. Il est à noter que l'aspirine et ses dérivés ainsi que l'administration d'AINS (anti-inflammatoires non stéroïdiens) sont contre-indiqués chez ces patients. De même, ces patients doivent signaler leur maladie pour toute intervention chirurgicale bénigne ou importante afin que les mesures de prévention soient prises. Ils doivent, également, posséder une carte sur laquelle est mentionné le type de la maladie de Willebrand afin de faciliter la prise en charge de l'hémorragie au cours d'un accident.

Conclusion

La maladie de Willebrand est la plus fréquente des anomalies constitutionnelles de l'hémostase, surtout dans sa forme de type 1 et confère un risque hémorragique modéré. Elle affecterait actuellement environ une personne sur cent mais le caractère souvent bénin des symptômes fait que la majorité des individus l'ignore. Ainsi, elle peut être découverte à l'âge adulte au moment d'un bilan préopératoire. Cette maladie présente des manifestations cliniques variables et le diagnostic repose sur des critères génétiques et sur des tests biologiques spécifiques. Le traitement par DDAVP est le traitement de choix pour les formes modérées de type 1 ou dans le cas d'intervention chirurgicale sans risque hémorragique. Pour les types 2 et la forme sévère de type 3, et en cas de chirurgie avec des risques hémorragiques importants, des injections de concentré de facteur de Willebrand sont indispensables. Toutefois, lorsque les facteurs de coagulation ne remontent pas avec la DDAVP, un traitement substitutif est préconisé.

L'essentiel de la question

La maladie de Willebrand est la plus fréquente des anomalies constitutionnelles de l'hémostase. Cette maladie de transmission autosomale, le plus souvent dominant, est causée par une anomalie quantitative ou qualitative du facteur de Willebrand (vWF), ce qui permet de la classer en deux principaux groupes : un groupe avec déficit quantitatif partiel (type 1) ou total (type 3), un groupe avec un déficit qualitatif (type 2). Cette protéine intervient dans l'hémostase en permettant l'adhésion des plaquettes au sous-endothélium lésé et leur agrégation. Elle assure, également, le transport et la protection du facteur VIII dans le plasma. Cette maladie présente une expression clinique, phénotypique et génotypique variée. Le diagnostic repose sur des critères génétiques et sur des tests biologiques spécifiques qui permettent de définir le type de la maladie et le traitement adapté qui diffère en fonction du type et de la gravité de la maladie.

Pour en savoir plus

- Sebahoun G. Les syndromes mononucléosiques. Hématologie clinique et biologique. Arnette.
- Trossaert M., Fressinaud E. *Maladie de Willebrand. Hémorragies et thromboses : du diagnostic au traitement*. Paris, Masson, 2004.

Coagulation intravasculaire disseminée (CIVD)

V. DESPLAT, Laboratoire d'hématologie, Faculté de pharmacie,
Bordeaux-II.

I. Définition

II. Physiopathologie

- A. Activation de la coagulation
- B. Diminution des inhibiteurs physiologiques de la coagulation
- C. Activation de la fibrinolyse

III. Étiologie

IV. Clinique

- A. CIVD aiguë
- B. CIVD chronique

V. Diagnostic

- A. Biologique
- B. Différentiel

VI. Traitement

- A. Traitements substitutifs
- B. Traitements spécifiques

VII. CIVD et leucémies aiguës

Hidden page

- Système protéine C-protéine S : activé par la thrombine, il inactive les facteurs Va et VIIIa. Son taux est diminué pendant la CIVD.
- TFPI (*tissue factor pathway inhibitor*) : inhibe les facteurs VIIa et Xa. Le taux peut être normal ou diminué lors de CIVD.

C. Activation de la fibrinolyse

Dans les conditions physiologiques, la fibrinolyse permet la disparition des dépôts de fibrine. Elle permet de lutter contre les microthromboses, mais augmente les complications hémorragiques. Dans les cas de CIVD, la fibrinolyse se trouvant activée en permanence, l' α 2-antiplasmine ne suffit plus à neutraliser toute la plasmine produite. Elle dégrade la fibrine, le fibrinogène et les facteurs de coagulation (V, VIII, IX, XI), augmentant les risques hémorragiques. L'augmentation des produits de dégradation de la fibrine (PDF), dont les D-Dimères (D-Di), et du fibrinogène sont le reflet de la fibrinolyse.

III. Étiologie

Les étiologies sont nombreuses mais ont toutes comme point commun la libération et/ou l'activation de facteurs intervenant dans le processus de coagulation. Une CIVD se retrouve le plus souvent au cours d'infections, de chirurgie lourde, en obstétrique et en cancérologie. Elle peut également apparaître au cours d'affections hépatiques, d'infections néonatales, de brûlures ou encore de morsures de serpents. Les principales causes étiologiques sont présentées dans le *tableau 1*.

Tableau 1. Principales causes étiologiques

Infections sévères et sepsis :	bactériennes (Gram – le plus souvent) ; virales (rubéole, rougeole, herpès, varicelle, zona, CMV, VIH...) ; fongiques (aspergilliose...) ; parasitaires (<i>plasmodium falciparum</i> , leishmaniose).
Obstétrique :	hématome rétroplacentaire, embolie amniotique, rétention de fœtus mort, rupture placentaire, prééclampsie, éclampsie.
Cancérologie :	carcinomes : prostate, estomac, rein, pancréas, sein, poumon, leucémies aiguës myélocytaires M3, M4, M5.
Lésions tissulaires : Chocs de toute nature Morsure de serpents venimeux	traumatismes majeurs, embolie graisseuse, brûlures étendues, chirurgie lourde (poumon, prostate, circulation extracorporelle).
Hémolyse intravasculaire : Affections hépatiques aiguës et chroniques	hémolyses aiguës post-transfusionnelles, médicamenteuses, drépanocytose, HPN.
Pédiatrie : Tumeur vasculaire, rejet de greffe Hypothermie-Hyperthermie	détresse respiratoire et infections néonatales.
Atteintes vasculaires :	hémangiome géant (syndrome de Kasabach-Meritt), anévrismes des gros vaisseaux.

IV. Clinique

Le tableau clinique est varié en raison des circonstances pathologiques, étiologiques nombreuses et de l'importance des troubles biologiques qu'elles entraînent.

A. CIVD aiguë

Souvent brutale, elle comporte :

- *un syndrome hémorragique* : ce sont surtout des hémorragies cutanéomuqueuses, de type purpura, ecchymoses extensives dites « en carte de géographie », pétéchies, épistaxis, gingivorragies, saignement au point de ponction, saignement en nappe du champ opératoire ou des orifices des drains, des cathéters. Il peut également se produire des hémorragies gastro-intestinales, hématuries, hémorragies intracrâniennes qui selon leur localisation peuvent mettre en jeu le pronostic vital du patient ;
- *manifestations thrombotiques atteignant tous les organes* avec :
 - des troubles neurologiques, de la conscience, coma,
 - des lésions cutanées (purpura nécrotique, gangrène périphérique),
 - des atteintes rénales (oligurie et insuffisance rénale),
 - des atteintes pulmonaires (troubles respiratoires, syndrome de détresse respiratoire aiguë),
 - des atteintes digestives (ulcérations aiguës) ;
- *état de choc* : traumatisme sévère avec un syndrome hémorragique ou thrombotique intense.

B. CIVD chronique

Le syndrome hémorragique est habituellement discret et limité à quelques ecchymoses et épistaxis. Il se rencontre au cours des néoplasies, affections inflammatoires chroniques, hépatiques (insuffisance hépatique chronique), cardiovasculaires (infarctus du myocarde) et certaines pathologies obstétricales (rétention de fœtus mort).

V. Diagnostic

A. Biologique

Les signes biologiques sont nombreux avec des niveaux de spécificité variés. Leur association permet de porter le diagnostic de CIVD et d'en évaluer l'importance. Il repose habituellement sur le bilan de l'hémostase qui montre :

- *une thrombopénie modérée* : le plus souvent, les plaquettes sont comprises entre 50 et $100 \times 10^9/L$. La thrombopénie peut être plus sévère ($< 30 \times 10^9/L$) ;

- allongement des tests globaux de coagulation : TQ, TCA, temps de thrombine (TT) variable selon la gravité du processus ;
- diminution du taux de fibrinogène (< 2 g/L, parfois $< 0,5$ g/l) ;
- diminution des facteurs activateurs : facteurs II, VII + X et surtout du facteur V ;
- signes d'activation du système fibrinolytique : augmentation des produits de dégradation du fibrinogène et de la fibrine (PDF), en particulier des D-dimères (D-Di), présence de complexes solubles (complexes formés par l'association des PDF avec les monomères de fibrine) ;
- signes d'hyperfibrinolyse : raccourcissement du temps de lyse des euglobulines avec une diminution du plasminogène et de l' α_2 -antiplasmin ;
- diminution des inhibiteurs physiologiques de la coagulation : AT et protéines C et S, variable selon l'intensité du processus ;
- présence de schizocytes : érythrocytes fragmentés révélant une anomalie intravasculaire due à la présence de microthrombi sur lesquels les hématies se cassent. Détectés au moment de l'hémogramme, leur existence n'a qu'une faible valeur diagnostique.

La Société internationale sur l'hémostase et la thrombose (ISTH) a établi un score de probabilité de CIVD en cinq étapes utilisant les examens classiques d'exploration de l'hémostase. Il faut tout d'abord évaluer le risque de CIVD, en déterminant si le patient présente une pathologie connue pour être associée à une CIVD. Si c'est le cas, certains tests globaux de coagulation sont pris en compte : taux de plaquettes, TQ, fibrinogène, produits de dégradation de la fibrine ou monomères solubles de fibrine. La figure ci-dessus explique la marche à suivre pour établir le score de CIVD.

B. Différentiel

1. Fibrinolyse primitive

Principal diagnostic différentiel, elle correspond à une activation isolée du système fibrinolytique. Le diagnostic est donné devant une diminution du fibrinogène et une augmentation des PDF associés à un taux stable de plaquettes et des complexes solubles négatifs. Le temps de lyse des euglobulines est très raccourci. Il n'y a donc pas d'activation de la coagulation.

2. Insuffisance hépatocellulaire

Elle correspond à un défaut de synthèse des facteurs de coagulation II, V, VII, X. Proche de la CIVD, elle s'en différencie, toutefois, par la négativité des complexes solubles et des taux de PDF ou D-dimères normaux.

Hidden page

Hidden page

VII. CIVD et leucémies aiguës

Le syndrome de CIVD est très fréquent dans la leucémie promyélocytaire (LAM3) dûe à la libération de facteurs procoagulants par les blastes. La CIVD doit être traitée avant la mise en route de la chimiothérapie. En effet, la lyse des blastes aggrave la CIVD et augmente le risque de mortalité chez le patient. Il faut donc corriger la thrombopénie par transfusion plaquettaire pour obtenir un taux de plaquettes supérieur à $50\,000/\text{mm}^3$ et ramener les taux des principaux facteurs de la coagulation à des valeurs proches de la normale par transfusion de plasma frais congelé. Une CIVD peut aussi apparaître dans les leucémies myélomonocytaire (LAM4) et monocytaire (LAM5). Les traitements par chimiothérapie des LAL peuvent provoquer une CIVD qui régresse avec la diminution des cellules leucémiques. Elle est, alors, sans traitement.

Conclusion

La CIVD est un processus complexe dû à de nombreuses étiologies. Il n'existe pas d'uniformité dans les manifestations cliniques qui sont nombreuses et variées et, par conséquent, il n'existe pas de traitement de choix. Le traitement étiologique est indispensable au traitement de la CIVD et peut parfois suffire. Dans le cas contraire, un traitement substitutif ou spécifique adapté peut lui être ajouté, mais quelle que soit la situation, le but est d'arrêter l'activation de la coagulation afin de réduire les risques hémorragiques ou de thrombose qui s'avéreraient fatales pour le patient.

L'essentiel de la question

La coagulation intravasculaire disséminée (CIVD) est un syndrome toujours secondaire à une pathologie déclenchante et caractérisé par une activation anormale de la coagulation se traduisant soit par un syndrome hémorragique, soit par un phénomène thrombotique. Les mécanismes physiopathologiques à l'origine de la CIVD sont multiples et font appel aux processus intervenant dans l'hémostase. Dans la majorité des cas, la synthèse de thrombine est prédominante, ce qui aboutit à la formation anormale de fibrine intravasculaire entraînant des altérations tissulaires et l'activation de la voie extrinsèque de la coagulation. Les manifestations cliniques sont nombreuses et multiples et les signes biologiques présentent des niveaux de spécificité variés. Leur association permet de porter le diagnostic de CIVD et d'en évaluer l'importance. Le traitement étiologique est fondamental et offre les meilleures chances de résoudre la CIVD. S'il ne l'est pas, il existe des traitements substitutifs ou spécifiques.

Pour en savoir plus

- Elalamy I. Coagulation intravasculaire disséminée. *Encycl Med Chir* (Elsevier, Paris), 2006 ; 13-022-C20.

Hidden page

Hidden page



Les antivitamines K

F. DOUTREMÉPUICH, Laboratoire d'hématologie, UFR de pharmacie, Bordeaux.

I. Mode d'action

- A. Vitamine K
- B. Conséquences de l'absence de vitamine K ou de la présence d'AVK
- C. Effets des AVK sur la concentration plasmatique des facteurs de la coagulation

II. Pharmacocinétique

- A. Résorption
- B. Liaison aux protéines plasmatiques
- C. Fixation hépatique
- D. Excrétion
- E. Diffusion
- F. Paramètres propres à quelques AVK
- G. Biodisponibilité des AVK

III. Interactions

- A. Interactions pharmacodynamiques
- B. Interactions pharmacocinétiques
- C. Interactions liées au métabolisme des facteurs de coagulation
- D. Interactions liées aux AVK

IV. Incidents et accidents

- A. Les accidents hémorragiques
- B. Les accidents non hémorragiques

V. Indications et contre-indications

- A. Les indications
- B. Les contre-indications

VI. Posologie et surveillance du traitement

- A. Contrôle biologique d'un traitement par les AVK
- B. Rythmes des contrôles biologiques

En 1920, une épidémie d'hémorragies atteint le bétail du nord des États-Unis. Des recherches sont alors entreprises. Carl Peter Dam observe l'apparition d'hémorragies spontanées chez des poussins soumis à un régime pauvre en matières grasses. Il en conclut que des extraits hydrophobes de substances végétales peuvent guérir les hémorragies. Des travaux parallèles en clinique humaine rapportaient une tendance hémorragique chez des patients atteints de maladies hépatiques ou d'ictères obstructifs.

En 1940, Link isole et identifie la dihydroxycoumarine comme la substance responsable de ces hémorragies. En 1943, Carl Peter Dam et Edward Adelbert Doisy obtiennent le prix Nobel de physiologie pour leurs travaux sur la vitamine K. Depuis 1941, les anti-vitamines K (AVK) ont trouvé leur place dans le traitement au long cours de la maladie thromboembolique. Ces molécules sont des dérivés de la coumarine et de l'indanedione. Administrés par voie orale, ils ont une action indirecte sur la coagulation : ils modifient la synthèse hépatique des facteurs de la coagulation vitamino-K dépendants.

I. Mode d'action

A. Vitamine K

La vitamine K est un dérivé de la naphthoquinone et comporte une chaîne hydrophobe qui diffère selon l'origine végétale (K1) ou bactérienne (K2) (fig. 1).

1. Origine

La vitamine K est une vitamine liposoluble apportée par l'alimentation (20 %) ou synthétisée par la flore intestinale (80 %). Son absorption est étroitement liée à la fonction biliaire.

2. Gamma-carboxylation et cycle de la vitamine K

La vitamine K, couplée à une carboxylase, intervient au niveau hépatique dans la transformation postribosomale des zymogènes de certains facteurs de la coagulation en protéines actives : prothrombine, proconvertine, facteur Stuart, facteur antihémophilique B, protéines C et S.

Au niveau d'une région spécifique de leur chaîne aminoterminal, ces protéines vitamino-K dépendantes accumulent une dizaine de résidus d'acide glutamique. Afin de permettre la fixation de ces protéines sur les phospholipides membranaires par l'intermédiaire de ponts Ca^{++} , ces résidus doivent être convertis en acide gamma-carboxyglutamique. Au cours de cette réaction, la vitamine K active sous forme hydroquinone est transformée en forme époxyde inactive. Par la suite, un époxyde réductase régénère la vitamine K sous forme hydroquinone (fig. 2).

B. Conséquences de l'absence de vitamine K ou de la présence d'AVK

Les AVK ont une structure chimique proche de la vitamine K (fig. 1), ce qui leur confère un mode d'action commun : AVK et vitamine K entrent en compétition au niveau des sites d'activation enzymatique de l'époxyde réductase. Les AVK inhibent l'enzyme et ainsi bloquent le cycle de la vitamine K et la gamma-carboxylation.

Hidden page

PIVKA conservent leurs déterminants antigéniques et le dosage des facteurs vitamino-K dépendants par méthode immunologique n'est pas affecté par les AVK.

C. Effets des AVK sur la concentration plasmatique des facteurs de la coagulation

Le taux plasmatique des facteurs de la coagulation est fonction de la vitesse de synthèse et de la vitesse de dégradation. À l'état normal, synthèse et dégradation sont en équilibre. Après administration d'AVK, l'équilibre est perturbé et une nouvelle stabilisation sera atteinte au bout d'une période fonction de la demi-vie des facteurs de la coagulation.

En principe, il faut attendre quatre à cinq temps de demi-vie. Ainsi, pour le facteur VII ou proconvertine, la demi-vie est de quatre à six heures : la stabilisation sera obtenue au bout d'un jour. En revanche, pour le facteur II ou prothrombine, l'équilibre ne sera atteint qu'après une semaine en raison de sa demi-vie longue (soixante à cent heures). Les AVK diminuent donc successivement le taux de proconvertine (VII), du facteur antihémophilique B (IX), du facteur Stuart (X) et de la prothrombine (II).

En ce qui concerne la protéine C, inhibiteur physiologique, lors d'un traitement au long cours, son taux peut descendre jusqu'à 0,25 U/ml (taux normal : 0,65-1,45 U/ml). Il faudra tenir compte de ce paramètre lors de la surveillance du traitement afin d'éviter des thromboses par déficit quantitatif en protéine C.

II. Pharmacocinétique

La connaissance du métabolisme des AVK est fondamentale en raison des nombreuses interférences médicamenteuses. Il existe en outre de nombreuses variations selon les familles de molécules et de leurs différents isomères et en fonction des réactions individuelles propres aux patients.

A. Résorption

Les AVK sont administrés par voie orale. Leur résorption se fait de façon presque intégrale par le tractus intestinal au niveau de l'estomac et du jujénum en trois à six heures.

B. Liaison aux protéines plasmatiques

La concentration maximale dans le plasma est atteinte deux à six heures après l'absorption selon les composés. Les AVK se lient de façon réversible et très importante au niveau du site 1 de l'albumine (70 à 97 %) : la fraction liée représente un réservoir alors que l'activité anticoagulante dépend de la fraction libre.

C. Fixation hépatique

Elle dépend de l'affinité du médicament pour le site récepteur hépatique. Les AVK sont ensuite métabolisés par biotransformation par les mono-oxydases et les conjugués du réticulum endoplasmique des microsomes hépatiques. Certains de ces dérivés peuvent avoir une activité anticoagulante.

D. Excrétion

L'excrétion se fait soit par la bile sous forme de dérivés inactifs, soit par la circulation sous forme liée à l'albumine qui sera filtrée au niveau glomérulaire. Au niveau de l'intestin, ces substances peuvent être réabsorbées par un cycle entérohépatique, puis excrétées par les urines. L'acénocoumarol est peu ou pas dégradé et est excrété sous forme inchangée dans les urines.

E. Diffusion

Les AVK traversent la barrière placentaire et diffusent dans le lait maternel. De ce fait, ils peuvent induire des désordres hémorragiques chez le fœtus et des fœtopathies. L'utilisation des AVK est donc contre-indiquée lors de la grossesse.

F. Paramètres propres à quelques AVK

Les dérivés coumariniques présentent une stéréoisomérisation qui influence leurs propriétés pharmacodynamiques et pharmacocinétiques. Les formes galéniques sont le mélange racémique des isomères R et S en proportion identique. La demi-vie des dérivés dextrogyres est plus longue, mais l'isomère lévogyre est deux à cinq fois plus actif. En fonction de leur délai d'action, les AVK se divisent en trois classes (tab. 1) :

- action courte : Tromexane[®], Pindione[®] ;
- action semi-longue : Sintrom[®], Previscan[®] ;
- action longue : Coumadine[®].

Tableau 1. Caractéristiques pharmacocinétiques des principaux antivitamines K

Famille	Dénomination commune	Spécialité	Demi-vie	Délai d'action	Durée d'action
Dérivé de la 4OH Coumarine	Biscoumacétate d'éthyle	Tromexane [®]	2 h 30	1 à 2 jours	1 à 2 jours
	Warfarine	Coumadine [®]	48 h	2 à 3 jours	5 à 7 jours
	Acénocoumarol	Sintrom [®]	9 h	1 à 2 jours	3 à 4 jours
	Tioclomarol	Apegmone [®]	24 h	1 à 2 jours	3 à 5 jours
Dérivé de l'Indanedione	Phénindione	Pindione [®]	6 h	1 à 2 jours	2 à 3 jours
	Bromindione	Fluidane [®]	24 h	1 à 2 jours	4 à 5 jours
	Parafluorophenyl indanedione	Previscan [®]	6 h	1 à 2 jours	2 à 3 jours
	Anisindione	Unidone [®]	9 h	1 à 2 jours	3 à 4 jours

G. Biodisponibilité des AVK

Les AVK sont des médicaments difficiles à manipuler en raison des variations dose-effet d'un individu à l'autre, mais aussi pour un même individu en fonction du temps. Différents paramètres entrent en compte pour la biodisponibilité des AVK :

- variation de l'apport en vitamines K ;
- ingestion d'aliments riches en vitamine K1 (choux-fleurs, choucroute, haricots verts, épinards, foie) ;
- perturbations de la flore intestinale ;

- variation de l'absorption des vitamines K : maladie affectant le système hépatobiliaire ;
- variation de la fonction hépatique ;
- synthèse de l'albumine et des facteurs de la coagulation ;
- hypermétabolisme lors de l'hyperthyroïdie ou des états fébriles ;
- diminution du catabolisme lors d'hypothyroïdie ;
- variation au niveau des systèmes récepteurs hépatiques ;
- variation des constantes cinétiques propres à chaque individu.

Ainsi, un traitement par les anticoagulants oraux doit être ajusté individuellement et surveillé très régulièrement.

III. Interactions

Les AVK sont habituellement prescrits pour un traitement au long cours. Pendant cette période, d'autres thérapeutiques sont susceptibles d'être adjointes et peuvent venir déséquilibrer le traitement anticoagulant du fait du faible index chimiothérapeutique des AVK. Il est donc important de parfaitement connaître l'influence des médicaments et de l'alimentation sur l'effet anticoagulant des AVK.

A. Interactions pharmacodynamiques

1. Apport et absorption des vitamines K

Une alimentation équilibrée et la flore intestinale suffisent normalement aux besoins en vitamines K. Toutes perturbations de ces origines déséquilibrent le traitement anticoagulant. Une consommation importante de certains aliments (choux, haricots verts, etc.) augmente l'apport en vitamine K1 et diminue l'effet des AVK. En revanche, des précautions seront à prendre lors d'une alimentation uniquement parentérale sans apport en vitamines K.

La destruction de la flore intestinale par les antibiotiques à large spectre administrés par voie orale (tétracyclines, chloramphénicol, néomycine) perturbe la synthèse de la vitamine K2 et potentialise l'effet des AVK.

La vitamine K est une vitamine liposoluble absorbée grâce aux sels biliaires. La cholestyramine, résine qui fixe les sels biliaires, diminue l'absorption de la vitamine K. Les huiles minérales (huile de paraffine), non résorbées par le tractus intestinal, et les laxatifs, par augmentation du transit, diminuent aussi la résorption et potentialisent l'effet anticoagulant.

2. Influence des antiagrégants plaquettaires

Tout médicament antiagrégant (salicylates, phénylbutazone, sulfinpyrazone, indométacine, ticlopidine, dipyridamole, etc.) augmente la tendance hémorragique.

B. Interactions pharmacocinétiques

1. Au niveau de la résorption

Les AVK sont des acides faibles et les antiacides ou les substances alcalinisantes diminuent la biodisponibilité des AVK. La cholestyramine diminue l'absorption des coumarines et augmente leur élimination en interrompant le cycle entérohépatique.

2. Au niveau de la liaison à l'albumine

Les AVK sont très liés à l'albumine (90 à 97 %). Les médicaments fortement fixés à l'albumine et possédant un site de fixation identique ou proche déplaceront les AVK et potentialiseront l'effet anticoagulant. Il s'agit principalement :

- de la phénylbutazone ;
- des salicylates ;
- des sulfamides hypoglycémisants ;
- des sulfamides antibactériens,
- du clofibrate, de l'acide tiénilique ;
- de l'acide étacrynique ;
- de l'acide nalidixique ;
- de l'acide oxalinique ;
- de la phénytoïne ;
- du sulindac.

3. Au niveau de la liaison aux récepteurs hépatiques

L'association triméthoprim-sulfaméthoxazole, de même que la quinidine, le clofibrate, les stéroïdes anabolisants et la D-thyroxine faciliteraient la fixation hépatique des AVK, augmentant ainsi l'hypocoagulabilité.

4. Au niveau du catabolisme hépatique

Des enzymes (particulièrement des hydroxylases) du réticulum endoplasmique des cellules hépatiques régulent le métabolisme des AVK et d'un grand nombre de médicaments. Ce système enzymatique peut être inhibé par :

- l'allopurinol ;
- le chloramphénicol ;
- la cimétidine ;
- les stéroïdes anabolisants ;
- le disulfiram.

La demi-vie des AVK se trouve allongée et leur effet renforcé. Inversement, d'autres médicaments sont des inducteurs enzymatiques accélérant leur métabolisme hépatique et celui des AVK :

- les barbituriques ;
- la rifampicine ;
- l'éthanol (à forte dose et en chronique) ;
- la glutéthimide ;

Hidden page

Hidden page

2. Les indications discutées

- Infarctus du myocarde : l'indication est formelle en cas d'infarctus compliqué (anévrisme, troubles du rythme, infarctus récidivant, insuffisance ventriculaire droite ou gauche). Lors d'un infarctus simple non compliqué, certains auteurs préconisent un traitement par les AVK pendant une à deux années chez des sujets de moins de 70 ans pour éviter les rechutes.
- Pontages aorto-coronariens.
- Accidents vasculaires cérébraux d'origine cardiaque.

B. Les contre-indications

Certaines sont absolues comme l'ulcère gastroduodéal en poussée, les accidents hémorragiques graves récents, l'hypertension artérielle sévère, l'insuffisance hépatique ou rénale, les hémopathies avec troubles de l'hémostase et la grossesse, les antivitamines K traversant la barrière placentaire. L'allaitement n'est pas une contre-indication formelle bien que les AVK diffusent dans le lait maternel l'hypocoagulabilité du nouveau-né est en effet faible. Des précautions particulières seront à prendre en cas d'accidents vasculaires cérébraux récents, d'antécédents d'ulcères, d'insuffisance biliaire, d'interventions chirurgicales.

Les troubles du comportement psychiatrique ou neurologique sont une contre-indication à évaluer.

VI. Posologie et surveillance du traitement

En raison des réactions individuelles de chaque individu, la posologie sera adaptée en fonction des tests de surveillance biologique. En général, la prise d'AVK est quotidienne, sauf pour le Tromexane® à durée d'action courte qui nécessite deux prises par jour. Cependant, des doses alternées (deux jours sur trois) peuvent être employées.

A. Contrôle biologique d'un traitement par les AVK

1. Les tests analytiques

a) Le temps de Quick ou taux de prothrombine (TP)

Il explore la voie exogène de la coagulation, soit les facteurs II, VII, X et le facteur V. Il mesure le temps de recalcification d'un plasma citraté en présence de thromboplastine. Le TP normal est compris entre onze et quatorze secondes. En France, il est exprimé en pourcentage d'un témoin normal considéré à 100 %. Le taux thérapeutique généralement demandé se situe entre 25 et 35 %.

C'est un test d'utilisation facile mais les laboratoires se heurtent à un problème de standardisation : de nombreuses thromboplastines commerciales existent et leurs caractéristiques peuvent varier considérablement de l'une à l'autre.

Depuis 1983, des experts tentent de standardiser ce test à l'échelon international à partir de thromboplastines de référence. Pour chaque thromboplastine est défini un indice de sensibilité internationale (ISI). Cet indice permet de calculer l'INR ou international normalized ratio :

$$\text{INR} = (\text{temps du patient} / \text{temps du témoin})^{\text{ISI}}$$

Des tables de conversion spécifiques au réactif permettent de passer du taux de prothrombine à l'INR.

Des zones thérapeutiques en INR ont été définies par E.A. Loeliger en fonction de l'importance de l'anticoagulation souhaitée :

- anticoagulation pré- et postopératoire, chirurgie de la hanche : 2,0-3,0 ;
- autre chirurgie 1,5-2,5 ;
- prophylaxie de la thrombose veineuse primitive ou secondaire : 2,0-3,0 ;
- phlébite en évolution, embolie pulmonaire, phlébite récidivante : 2,0-4,0 ;
- prophylaxie artérielle, valve cardiaque artificielle : 3,0-4,5.

b) Le thrombotest d'Owren

Il a un avantage sur le TP puisqu'il utilise un réactif standard et explore les quatre facteurs vitamino-K dépendants. Les résultats sont exprimés en pourcentage d'activité prothrombinique et la zone d'efficacité au cours d'un traitement par les AVK est comprise entre 6 et 13 %. Ce test est peu ou pas utilisé.

2. Le test de coagulation globale : le temps de céphaline kaolin (TCK) ou temps de céphaline activé (TCA)

Il explore la voie endogène et ne rend pas compte du facteur VII. Il a l'avantage d'être automatisable. La zone d'efficacité thérapeutique est comprise entre une fois et demie et deux fois le temps du témoin. La surveillance biologique d'un traitement AVK associe le temps TP et le TCA.

3. Autres tests

En cas de déstabilisation du TP, il sera nécessaire d'effectuer un dosage du fibrinogène. Par ailleurs, une fois l'an, une numération-formule sanguine (NFS) doit être réalisée.

B. Rythmes des contrôles biologiques

1. Instauration d'un traitement AVK d'emblée

La posologie est en général d'un comprimé par jour. Un premier contrôle sera effectué en fonction du délai d'action de l'AVK utilisé, entre 48 et 72 heures après la première prise.

Par la suite, des contrôles se feront tous les deux jours la première semaine, puis deux fois par semaine pendant quinze jours. L'ajustement de la posologie se fait au demi ou au quart de comprimé. Lorsque le traitement est équilibré, un contrôle mensuel est suffisant.

2. Relais héparine-AVK

L'héparine est maintenue pendant 48 heures, le temps nécessaire à l'obtention des effets des AVK sur le TP. Après 48 heures, l'héparine est arrêtée et un contrôle biologique est effectué le lendemain. Un deuxième protocole existe : 48 heures après la prise d'AVK, les doses d'héparine sont diminuées de façon à avoir un temps de Howell entre 2'30-3' pour un témoin à 2', jusqu'à l'obtention d'un TP entre 25-35 %.

L'essentiel de la question

Le succès d'une thérapeutique anticoagulante par les antivitamines K dépend de la collaboration étroite malade-médecin-biologiste. En effet, une prescription médicale correcte et son observance par le patient, ainsi que des contrôles biologiques précis et adaptés, doivent assurer l'efficacité et une bonne stabilité de cette thérapeutique. La connaissance de signes d'alerte et l'absence de toute automédication sauvage doivent permettre de prévenir tout accident hémorragique.

Les héparines

F. DOUTREMÉPUICH, Laboratoire d'hématologie, UFR de pharmacie, Bordeaux.

I. Les héparines non fractionnées

- A.** Fabrication
- B.** Structure et site de liaison
- C.** Propriétés pharmacologiques de l'héparine
- D.** Pharmacocinétique
- E.** Indications et posologies
- F.** Surveillance de l'héparinothérapie
- G.** Relais de l'héparine par les antivitamines K (AVK)
- H.** Complications liées à l'héparinothérapie
- I.** Neutralisation de l'héparine
- J.** Interactions médicamenteuses
- K.** Contre-indications

II. Héparines de bas poids moléculaire (HBPM)

- A.** Préparation
- B.** Propriétés des héparines de bas poids moléculaire
- C.** Pharmacocinétique
- D.** Indications et posologies
- E.** Surveillance

L'héparine est un médicament anticoagulant très utilisé dans le traitement curatif et préventif des maladies thromboemboliques. La découverte de l'héparine est due à Jay Mac Lean en 1916. William Henry Howell, en 1918, en a précisé la nature chimique mais ce n'est qu'en 1936 qu'elle a été utilisée pour la première fois chez l'homme comme anticoagulant. À cette époque, l'héparinothérapie n'était fondée que sur des bases empiriques, puisqu'il faudra attendre les années 1970 pour découvrir le mécanisme précis d'action de l'héparine. Depuis, de nombreux travaux se sont attachés à préciser sa structure et son mode d'intervention dans la coagulation : la molécule apparaît être très hétérogène sur le plan physique aussi bien que chimique. Il vaut alors mieux parler des héparines, plutôt que de l'héparine. Ces recherches ont permis la mise au point d'héparines de bas poids moléculaire.

I. Les héparines non fractionnées

A. Fabrication

1. Préparation

On retrouve l'héparine dans de nombreux tissus, mais les héparines commerciales sont préparées à partir de l'intestin de porc ou du poumon de bœuf. Plusieurs étapes se succèdent :

- une extraction tissulaire par protéolyse en milieu basique ;
- une purification par précipitation à l'aide d'un ammonium quaternaire : l'héparine très acide, fixe l'ammonium quaternaire : les sels formés, très insolubles, sont ainsi séparés ;
- une dépyrogénéation, une décoloration, puis une élimination des réactifs sont les étapes finales.

On obtient ainsi l'héparine sous forme de sel de sodium, calcium ou magnésium (les sels de lithium sont utilisés comme anticoagulant des prélèvements sanguins).

2. Contrôles

Plusieurs tests de contrôle sont alors effectués selon les normes de la *Pharmacopée française*¹.

a) Caractères

L'héparine se présente sous la forme d'une poudre blanche, modérément hygroscopique et facilement soluble dans l'eau.

1. *Pharmacopée française*, 10^e édition, juillet 1986.

b) Identifications

L'héparine sodique ou calcique retarde la coagulation du sang frais : son pouvoir rotatoire ne doit pas être inférieur à $+ 35^\circ$ (en général $45 \pm 5^\circ$) : une électrophorèse de zone peut être aussi utilisée.

c) Essais

La solubilité est vérifiée en diluant 50 000 UI d'héparine dans 10 ml d'eau. La solution obtenue doit être limpide et son pH compris entre 5,5 et 8,0.

La recherche des protéines se fait par addition d'acide trichloracétique : l'absence de précipité ou de trouble signe la non-présence de protéines. La teneur en azote (mesurée par la méthode de Kjeldahl) ne doit pas être supérieure à 2,5 %. L'héparinate doit contenir 9,5 à 12,5 % de Na^+ ou de Ca^{++} calculé par rapport à la substance desséchée. La teneur en soufre (titrée par le perchlorate de baryum en présence d'alizarine) calculé par rapport à la substance desséchée n'est pas inférieure à 10 %. La limite tolérée pour les métaux lourds est de 30 ppm.

La perte à la dessiccation ne doit pas être inférieure à 8 %. Le taux de cendres sulfuriques, calculé par rapport à la substance desséchée, varie de 30 à 40 %.

La recherche de pyrogènes se fait sur les lapins, la vérification de la non-toxicité sur des souris et l'essai pour les substances hypotensives chez le chat.

d) Titrage

L'activité anticoagulante d'une héparine est évaluée *in vitro* en comparant sa capacité à retarder la coagulation d'un plasma de mouton citraté puis recalcifié à celle d'une héparine étalon dont la correspondance en unités internationales (UI) est donnée par l'Organisation mondiale de la santé (OMS).

3. Méthode

Un pool de plasma de mouton est recueilli sur une solution anticoagulante (citrate 8,7 g, aprotinine 4 mg, eau qsp 100 ml) à raison d'un volume d'anticoagulant pour 19 volumes de sang. Après centrifugation (5 000 g), le plasma séparé est réparti en tubes et congelé rapidement. Au moment de l'utilisation, la décongélation se fait à 37°C .

L'héparine à doser et l'héparine étalon sont diluées dans une solution de chlorure de sodium isotonique, de façon à obtenir deux séries de dilution géométrique. Le nombre d'UI/ml contenu dans chaque tube de la série étalon est connu avec précision.

Deux séries de tubes contenant 1 ml de plasma préparé comme ci-dessus reçoivent les différentes dilutions étalon pour l'une, les dilutions de l'héparine à doser pour l'autre. L'ensemble repose dans un bain-marie à 37°C . Chaque tube se voit alors ajouter 1 ml d'une dilution de céphaline + activateur (kaolin). On ajoute 1 ml d'une solution de chlorure de calcium à 0,37 % dans l'eau après exactement deux minutes. On déclenche alors un chronomètre pour mesurer le temps de coagulation. Les temps sont transformés en logarithmes et rapportés sur une courbe en fonction du nombre d'UI/ml qu'ils représentent.

B. Structure et site de liaison

L'héparine est une substance très hétérogène appartenant à la série des glycosaminoglycanes sulfatés. Sa masse moléculaire varie de 3 500 à 35 000 daltons avec une moyenne à 14 000 daltons. Les chaînes sont porteuses de résidus aminés, sulfatés et acétylés en nombre et positions variables.

1. Structure de base

Les chaînes glucidiques sont composées d'une alternance de D-glucosamine et d'acide uronique : acide uronique-glucosamine, acide uronique-glucosamine... On retrouve en fait deux acides uroniques différents dans la chaîne : l'acide D-glucuronique et l'acide L-iduronique, qui peuvent de plus porter d'autres groupes encore. La structure spatiale, le nombre et la position des groupements sulfatés permettent l'interaction de l'héparine avec diverses protéines.

2. Site de liaison

L'héparine exerce son activité anticoagulante en présence de l'antithrombine III (ATIII) dont elle potentialise l'effet inhibiteur sur les sérines protéases de la coagulation.

Plusieurs études ont été menées afin de préciser la structure du site de liaison de l'héparine à VATHL. En 1979, R. D. Rosenberg a séparé deux fractions d'héparine par chromatographie d'affinité pour l'ATIII :

- une première fraction, représentée par les deux tiers de l'héparine de départ, ne se fixe pas sur l'ATIII. Elle possède 15 % de l'activité anticoagulante ;
- une deuxième fraction, représentée par un tiers de l'héparine de départ et affine pour l'ATIII, possède 85 % de l'activité anticoagulante.

Dans cette dernière fraction, il a remarqué une séquence, un tétrasaccharide, fréquemment retrouvée dans les chaînes d'héparine affines pour l'ATIII. Pour Rosenberg, ce tétrasaccharide correspondait à la zone de fixation de l'héparine à l'ATIII.

En 1979, U. Lindhall isole un hexasaccharide qui inclut le tétrasaccharide de Rosenberg. En 1980, J. Choay, par dépolymérisation enzymatique et par chromatographie d'affinité pour l'ATIII, montre que le site minimal de liaison de l'héparine possédant une haute activité inhibitrice sur le facteur Xa est un pentasaccharide. En 1983, J. Choay et M. Petitou réussissent la synthèse chimique de ce pentasaccharide (fig.).

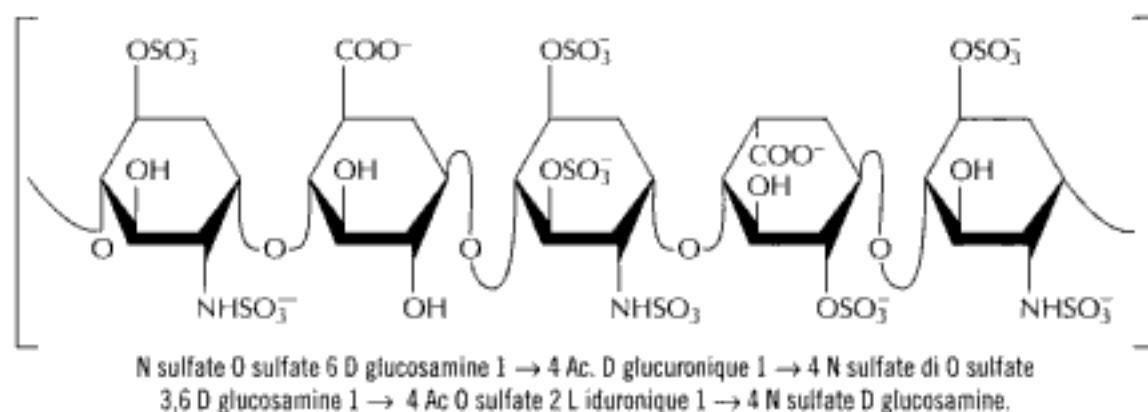


Figure 1. Schéma et formule du pentasaccharide

C. Propriétés pharmacologiques de l'héparine

1. Propriétés liées à la liaison avec l'ATIII

a) ATIII

L'ATIII est une protéine plasmatique de masse moléculaire de 58 000 daltons, synthétisée par le foie et par les cellules endothéliales. Sa concentration plasmatique est de 300 mg/L ou 2 μ M. Sa demi-vie est de trois jours. L'ATIII est l'un des principaux inhibiteurs physiologiques des sérines protéases de la coagulation.

b) Formation des complexes

L'ATIII forme un complexe équimoléculaire avec des enzymes de la coagulation, les sérines protéases (sauf le facteur Va). La vitesse de la réaction d'inhibition de ces enzymes est lente.

En présence d'héparine, cette cinétique est plus rapide : la fixation de l'héparine sur des résidus lysine de l'ATIII entraînerait un remaniement de la conformation spatiale de l'inhibiteur. Le site réactif arginine de l'ATIII se trouverait ainsi démasqué et plus accessible au site sérine des protéases. Deux facteurs de la coagulation sont plus sensibles à cette inhibition : le facteur IIa (la thrombine) et le facteur Xa.

2. Interaction avec l'héparine cofacteur II (HCII)

L'HCII est une glycoprotéine de masse moléculaire de 65 000 daltons. Sa composition en acides aminés est voisine de l'ATIII mais elle ne possède pas de communautés antigéniques avec celle-ci. Elle serait synthétisée par le foie. Sa concentration plasmatique est de 90 mg/L ou 1,4 μ M.

L'HCII a une action inhibitrice sélective sur la thrombine. Elle n'a pas d'effet sur le facteur Xa, la plasmine ou la trypsine. L'inhibition de la thrombine par l'HCII est beaucoup plus lente qu'avec l'ATIII. Cependant, elle est accélérée en présence de très fortes concentrations d'héparine.

3. Interaction avec les cellules endothéliales

L'héparine possède la faculté de se fixer sur les cellules endothéliales. Elle accroît ainsi les charges électronégatives de la surface et favorise la résistance au processus thrombotique.

4. Rôle dans la fibrinolyse

E.-G. Vairel a observé en 1983 une augmentation du taux de l'activateur vasculaire du plasminogène en présence d'héparine, cette dernière favorisant ainsi la lyse des caillots.

5. Rôle dans l'athérosclérose

H. Engelberg a précisé le rôle de l'héparine dans la prévention de l'athérosclérose. Cette substance agit sur plusieurs paramètres par son action sur l'endothélium vasculaire : elle prévient le processus de thrombose et diminue la capacité d'adhé-

Hidden page

D'autres protocoles sont aussi utilisés en tenant compte de la chirurgie et surtout du type d'anesthésie.

2. Traitement curatif

L'héparine sera utilisée à forte dose, de préférence par voie intraveineuse et en continu, à l'aide d'une seringue électrique afin d'éviter des concentrations plasmatiques en « dents-de-scie », avec des périodes d'hypocoagulabilité importante, génératrices d'hémorragies. L'un des schémas thérapeutiques débute par une dose charge de 100 UI/kg, puis le traitement est poursuivi sur la base de 500 UI/kg/24 h, en ajustant la posologie en fonction des résultats des tests biologiques.

L'héparinothérapie est particulièrement indiquée dans les thromboses veineuses, dans l'embolie pulmonaire et lors de thromboses artérielles afin de limiter l'extension du thrombus. Son utilisation dans l'infarctus du myocarde en phase aiguë diminue la fréquence des thromboses intracardiaques et des embolies systémiques.

3. Indications particulières

L'héparinothérapie est aussi employée au cours de certaines coagulations intravasculaires disséminées afin de s'opposer à l'activation entretenue de la coagulation sanguine.

L'héparine permet également l'incoagulabilité complète du sang lors des circulations extracorporelles et de l'hémodialyse.

Ainsi, lors des circulations extracorporelles (CEC) pour chirurgie cardiaque, l'héparine sera d'abord administrée à la dose d'environ 300 UI/kg après la pose de la CEC au patient. Un temps de céphaline activé (TCA) sur sang total sera réalisé, généralement avec un appareil de type Hemotech ou Hemochron®, ce qui permet de suivre l'évolution de l'héparinémie. En circulation extracorporelle, le TCA doit toujours être à supérieur à 400 secondes pour éviter tout risque d'activation de la coagulation par les biomatériaux ainsi que par l'air lors des aspirations. À la fin de la CEC, l'héparine sera neutralisée par la protamine.

F. Surveillance de l'héparinothérapie

1. Bilan préthérapeutique

Avant toute héparinothérapie, un bilan complet sera pratiqué :

- un interrogatoire orienté permettra de déceler toute tendance hémorragique et/ou thrombotique du patient (origine génétique ou acquise) et de rechercher les contre-indications au traitement ;
- un examen sanguin comprenant une numération-formule sanguine (NFS), un temps de céphaline activé, un Temps de Quick (TQ) et une numération plaquettaire sera toujours effectué ;
- dans le cas de thromboses veineuses récidivantes où l'enquête familiale est positive, la recherche d'un déficit congénital en ATIII, protéine C ou plasminogène pourra être indiquée.

2. Surveillance du traitement

L'héparinothérapie entraîne une hypocoagulabilité faible dans un traitement préventif, plus importante en curatif : la surveillance doit donc être régulière et les posologies adaptées selon les résultats biologiques afin d'éviter une complication hémorragique.

a) Tests de coagulation globaux

■ Temps de Howell

Test peu utilisé.

■ Temps de céphaline activé ou avec activateur

Il est réalisé par addition au plasma d'un activateur de la voie intrinsèque (par exemple le kaolin) puis de céphaline (phospholipide).

Le temps de coagulation est normalement de 40 secondes. Dans le cas d'une héparinothérapie efficace, ce temps doit être égal à 1,5 à 2,5 fois le temps du témoin soit 60 à 80 secondes. Ces temps peuvent varier suivant les laboratoires et les réactifs utilisés : il est donc nécessaire d'établir des normes propres au laboratoire.

b) Mesure de l'héparinémie circulante

Pour ces méthodes, l'utilisation de plasma étalonné en héparine permet de traduire les temps de coagulation ou les densités optiques en héparinémie (en UI/ml).

■ Méthodes chronométriques

- *Temps de thrombine (TT)* : l'addition de thrombine calcique à un plasma citraté détermine le temps de thrombine. La présence d'héparine prolonge le temps de coagulation du plasma. À l'état normal, ce temps est compris entre 20 et 25 secondes.
- *Étude de l'activité anti-Xa* : au plasma contenant de l'héparine est ajouté un excès d'ATIII. Le complexe héparine-ATIII agit sur un excès connu de facteur Xa purifié additionné au plasma. La mesure de l'activité enzymatique du facteur Xa résiduel est effectuée :
 - soit par son action coagulante sur un plasma substrat en présence de CaCl_2 ,
 - soit par un temps de coagulation par addition d'un mélange de CaCl_2 , de céphaline et de plasma bovin (méthode de Yin et Wessler).

■ Méthodes chromogéniques

Principe : le plasma hépariné est dilué en tampon contenant de l'ATIII. Le complexe formé réagit sur un excès connu de facteur Xa ou Ia. L'activité résiduelle enzymatique du facteur sera mesurée grâce à l'hydrolyse d'un substrat qui libérera une quantité de paranitroaniline (pNA) inversement proportionnelle à la quantité d'héparine.

c) Prélèvements

- Lors d'une *perfusion continue*, l'héparinémie est stable : le prélèvement est possible à tout moment. Le but est d'obtenir : héparinémie 0,2-0,3 UI/ml, TCA 1,5 à 2 fois le temps du témoin.

- Lorsque l'injection IV est discontinuée, le contrôle est réalisé aux trois quarts de l'intervalle du temps entre deux injections mais des variantes peuvent exister en fonction des équipes médicales. Le but est d'obtenir : héparinémie 0,2-0,3 UI/ml, TCA 1,5 à 2 fois le temps du témoin.
- Si les injections sont réalisées par voie sous-cutanée, le contrôle peut être effectué :
 - aux trois quarts de l'intervalle du temps entre deux injections : héparinémie 0,2-0,3 UI/ml, TCA 1,5 à 2 fois le temps du témoin,
 - au milieu de deux injections : héparinémie 0,3-0,4 UI/ml, TCA 2 à 2,5 fois le temps du témoin.
- Les zones thérapeutiques de l'héparinémie et du TCA varient aussi en fonction de la pathologie (on recherche une héparinémie plus forte en cas d'embolie pulmonaire), de l'âge du patient et des différents facteurs de risque. Des zones thérapeutiques plus larges peuvent ainsi être définies :
 - héparinémie : 0,2 à 0,5 UI/ml,
 - TCA : 1,5 à 2,5 fois le temps du témoin.

3. Surveillance des effets secondaires de l'héparine

Il apparaît nécessaire d'associer au bilan de surveillance classique :

- une numération plaquettaire tous les jours en raison des thrombopénies induites par l'héparine ;
- un dosage de l'ATIII afin de vérifier si le taux du cofacteur est suffisant pour avoir une thérapeutique efficace ;
- enfin, une numération globulaire ainsi qu'un taux de l'hémoglobine dans les traitements au long cours afin de déceler d'éventuelles anémies, conséquences des hémorragies internes, même minimes.

G. Relais de l'héparine par les antivitamines K (AVK)

Le traitement par les antivitamines K doit débuter avant la fin de l'héparinothérapie en raison du délai d'action de ces médicaments et de la diminution de l'ATIII induite par l'héparine, à l'origine de manifestations thromboemboliques.

Durant les premiers jours du relais, la posologie de l'héparine n'est pas changée. Par la suite, les doses d'héparine sont réduites en fonction de l'effet des AVK mesuré par le temps de Quick ou le thrombotest d'Owren. L'arrêt de l'héparinothérapie se fait lorsque le traitement par les AVK est efficace.

H. Complications liées à l'héparinothérapie

1. Hémorragies

Les hémorragies sont une complication majeure du traitement par l'héparine. Elles peuvent survenir en cas de surdosage ou bien lorsque l'héparinothérapie est associée à un autre facteur d'hypocoagulabilité (administration d'antiagrégants plaquettaires, thrombopénie, insuffisance hépatique, etc.).

2. Thrombopénies

Les thrombopénies peuvent avoir deux origines : la première est la conséquence de la formation d'agrégats plaquettaires. Dans ce cas, la thrombopénie est modérée et transitoire.

L'autre mécanisme est de nature immunologique. La thrombopénie est alors sévère et s'accompagne généralement de thromboses.

3. Ostéoporose

L'ostéoporose peut se rencontrer lors de traitements prolongés et à forte dose.

4. Thromboses veineuses

De rares processus de thromboses par consommation d'ATIII peuvent parfois s'observer à l'arrêt de l'héparinothérapie.

I. Neutralisation de l'héparine

La protamine neutralise l'effet anticoagulant de l'héparine : elle dissocie le complexe héparine-ATIII en se liant à l'héparine. Le nouveau complexe n'a pas de propriétés anticoagulantes.

Il faut ajuster les doses de protamine en fonction de l'héparine administrée en tenant compte de la demi-vie, sachant que 1 mg de protamine neutralise environ 100 UI d'héparine.

J. Interactions médicamenteuses

Ces interactions sont d'ordre synergique, c'est-à-dire, que toute substance agissant sur l'hémostase et la coagulation potentialise les effets de l'héparine : les antiagrégants plaquettaires, les anti-inflammatoires non stéroïdiens, les AVK, etc. Il existe aussi des incompatibilités médicamenteuses : l'association de l'héparine dans un flacon de perfusion est fortement déconseillée avec les antibiotiques, les psychotropes, les glucocorticoïdes et les antalgiques morphiniques.

K. Contre-indications

Les contre-indications absolues de l'héparinothérapie sont :

- la neurochirurgie récente ;
- les maladies hémorragiques ;
- l'hypertension artérielle maligne.

Il existe aussi des contre-indications relatives :

- les accidents vasculaires cérébraux récents ;
- l'hypertension artérielle non contrôlée ;
- l'insuffisance hépatique et/ou rénale sévère ;
- l'ulcère gastro-duodénal évolutif, l'impossibilité de surveillance clinique et/ou biologique.

II. Héparines de bas poids moléculaire (HBPM)

Depuis quelques années, la mise au point d'héparines de bas poids moléculaire a permis de diminuer de façon notable l'activité anticoagulante, tout en conservant une activité antithrombotique comparable à celle des héparines non fractionnées.

A. Préparation

Divers procédés sont utilisés dans la préparation des HBPM. Ils reposent sur la coupure de liaisons interglycosidiques de l'héparine par extraction alcoolique, gel filtration ou dépolymérisation (par des réactifs chimiques et par désamination contrôlée). Les produits obtenus sont des fragments d'héparine dont la masse moléculaire varie de 4 000 à 8 000 daltons.

B. Propriétés des héparines de bas poids moléculaire

1. Propriétés liées à l'ATIII

Tout comme les héparines non fractionnées, les HBPM agissent par l'intermédiaire de l'ATIII. Cependant, leur activité inhibitrice est différente selon le facteur considéré : en effet, l'inhibition du facteur Xa est plus importante que celle de la thrombine (IIa).

2. HCII

L'HCII n'est pas sensible à l'effet des héparines de bas poids moléculaire : l'activité antithrombine de l'HCII n'est pas potentialisée par les HBPM.

3. Action sur la fibrinolyse

Les travaux de E.-G. Vairel et F. Doutremepuich, menés en parallèle entre l'héparine et une HBPM, ont montré que ces substances augmentaient le taux de l'activateur vasculaire du plasminogène de façon comparable.

4. Action sur les plaquettes

À l'heure actuelle, peu de cas de thrombopénies induites par les héparines de bas poids moléculaire ont été décrits dans la littérature : il semble donc que les HBPM aient moins d'effets sur les plaquettes.

C. Pharmacocinétique

Des études ont montré qu'après injection sous-cutanée, l'héparinémie mesurée par son activité anti-Xa diminue plus rapidement avec les héparines non fractionnées qu'avec les HBPM : la demi-vie des HBPM est de quatre heures (60 à 90 minutes pour l'héparine). D'autre part, les HBPM présentent une meilleure biodisponibilité (98 %), expliquée peut-être par la petite taille des molécules qui faciliterait le passage rapide du produit. Les HBPM ne traversent pas la barrière placentaire.

D. Indications et posologies

1. HEPM utilisées en thérapeutique

Actuellement, à titre d'exemple :

- tinzaparine (Innohep®) ;
- énoxaparine (Lovenox®) ;
- daltéparine (Fragmine®) ;
- nadroparine (Fraxiparine®).

2. Indications et posologies

La Fraxiparine® est commercialisée pour la prévention de la maladie thromboembolique : la posologie préconisée est de 7 500 U anti-Xa IC/24 h. Dans la même indication, les posologies de 40 mg une fois par jour ou de deux injections de 20 mg pour l'énoxaparine et de 16 mg pour la daltéparine se sont avérées efficaces et bien tolérées. Actuellement, l'emploi des HBPM s'étend à d'autres domaines : le traitement curatif des thromboses veineuses, le traitement de l'embolie pulmonaire et l'hémodialyse. Les essais effectués pour ces indications tentent de préciser les posologies exactes à utiliser dans chaque cas.

Il se dégage des premières études cliniques effectuées à l'aide de ces fractions d'héparine une activité antithrombotique comparable sinon supérieure à celle de l'héparine non fractionnée, un risque hémorragique inférieur, et un bénéfice pour le patient qui ne reçoit qu'une seule injection sous-cutanée par 24 heures (au lieu de trois) pour le traitement préventif.

E. Surveillance

L'hypocoagulabilité engendrée par les HBPM est faible : en effet, le TCA est souvent très peu allongé du fait de la faible activité anti-IIa. La surveillance du traitement préventif des thromboses veineuses est donc réalisée par la mesure de l'activité anti-Xa soit par méthode chromométrique, soit par méthode chromogénique, pour vérifier l'héparinémie circulante.

Pour le traitement curatif, la surveillance biologique se fait par le dosage de l'activité anti-Xa et le TCA. Les deux tests reflètent la présence du médicament, mais ils ne sont pas corrélés à son efficacité. De récents travaux ont montré que la protamine agissait aussi bien sur la neutralisation de l'héparine que sur les HBPM, mais que les doses variaient selon les fractions et qu'une activité anti-Xa résiduelle persistait.

L'essentiel de la question

Les héparines sont des molécules mucopolysaccharidiques d'origine naturelle, dont l'activité biologique repose sur une séquence commune (pentasaccharide), mais dont la structure est très variable. On les classe en « Héparines non fractionnées » (HNF) et « Héparine de Bas Poids Moléculaire » (HBPM).

L'efficacité anticoagulante des héparines s'accompagne d'un risque de complication, hémorragique notamment, potentiellement grave. La sécurité d'emploi dépend largement du respect des modalités de prescription, posologie et surveillance, même si l'utilisation des HBPM dans beaucoup de situations cliniques en a simplifié l'utilisation.

Hidden page

Depuis une vingtaine d'années, de nombreux travaux ont montré le rôle primordial joué par les plaquettes dans la survenue d'accidents thromboemboliques artériels. Ainsi les médicaments inhibant les fonctions plaquettaires sont-ils rapidement devenus des molécules de premier choix. Ils sont indiqués dans la prévention des récurrences d'infarctus du myocarde, des récurrences d'accident ischémique en cas d'artérite des membres inférieurs, d'accident vasculaire cérébral ischémique transitoire ou permanent. Ils sont également indiqués dans d'autres circonstances, dont l'angor instable et l'angioplastie coronaire. Dans la plupart des cas, aucune surveillance biologique n'est nécessaire, hormis pour le risque de cytopénie induite par le Ticlid®. En effet, un allongement du temps de saignement n'est prédictif ni de l'efficacité du traitement ni du risque hémorragique.

Certains antiplaquettaires peuvent inhiber une seule voie d'activation plaquettaire, c'est notamment le cas de l'aspirine ou du clopidogrel. De nombreux travaux ont montré un réel intérêt à l'association de plusieurs de ces molécules. D'autres, en revanche, peuvent inhiber l'agrégation plaquettaire dans sa globalité et ce quel que soit le mécanisme d'activation en cause, comme les inhibiteurs du complexe glycoprotéique (GP) plaquettaire GP IIb/IIIa (α IIb β 3). Les contre-indications de ces traitements sont classiquement les maladies hémorragiques acquises et constitutionnelles, toutes les lésions susceptibles de saigner, les accidents vasculaires cérébraux récents, une intervention neurochirurgicale récente, etc. Les antiplaquettaires font l'objet de nombreux essais thérapeutiques à grande échelle et au long cours. Ces essais tentent d'évaluer, en termes de diminution de la morbidité et de la mortalité, le rapport bénéfice-risque de la prescription de ces traitements dans les préventions primaire et secondaire d'accidents thromboemboliques artériels et, en association avec d'autres médicaments, dans le traitement de la phase aiguë de l'infarctus du myocarde (voir tableau). Nous avons choisi de présenter ces thérapeutiques antiplaquettaires en fonction de leur mécanisme d'action.

Tableau 1. Indications des principaux agents antiplaquettaires

Voie	Agents antiplaquettaires	Posologie	Indications	Effets indésirables
Orale	Aspirine (Catalgine®, Aspégic®, Kardégic®, etc.)	100 à 350 mg/j	Préventions primaire et secondaire de la thrombose artérielle Angioplastie des coronaires	Saignements gastro-intestinaux
	Ticlopidine (Ticlid®)	250 mg x 2/j	Prévention secondaire de la thrombose artérielle Angioplastie des coronaires (+ aspirine)	Agranulocytoses Thrombopénies
	Clopidogrel (Plavix®)	75 mg/j (\pm bolus)	Idem	Rashes cutanés Diarrhées
IV*	Iloprost, (Ilomédine®)	1 à 4 ng/kg/min	Ischémie de la maladie de Buerger	Flushes faciaux Céphalées
	Abciximab, (Reopro®)	0,25 ng/kg en bolus, puis 10 μ g/min pendant 12 h	Angioplastie des coronaires (patients à haut risque)	Thrombopénies
	Eptifibatide, (Integrilin®)	180 μ g/kg en bolus, puis 2 μ g/kg/min jusqu'à 72 h	Angioplastie, angor instable, infarctus sans ondes Q, en association avec héparine et aspirine	Précautions d'emploi en cas d'insuffisance rénale
	Tirofiban, (Agrastat®)	0,4 μ g/kg/min pendant 30 min, puis 0,1 μ g/kg/min	Angioplastie, angor instable, infarctus sans ondes Q, en association avec héparine et aspirine	

* Voie intraveineuse, réservé à l'usage hospitalier.

Hidden page

2. Pharmacocinétique

L'aspirine administrée par voie orale est absorbée de façon rapide et passive au niveau du duodénum. Sa demi-vie est de l'ordre de trente minutes. Elle est rapidement hydrolysée dans la circulation et les tissus par des estérases en acide salicylique. Elle circule fortement liée aux protéines plasmatiques, ce qui peut être à l'origine d'interactions médicamenteuses. Puis elle subit un métabolisme hépatique et les métabolites sont éliminés par le rein. L'aspirine traverse la barrière placentaire.

3. Indications

Le but du traitement est d'obtenir la meilleure efficacité sur la morbidité et la mortalité en minimisant le plus possible les incidents et accidents hémorragiques liés à la prise d'aspirine au cours des indications suivantes :

- la phase aiguë et subaiguë de l'infarctus du myocarde : en général, 250 mg/jour pendant au moins cinq semaines en association avec des anticoagulants et/ou un thrombolytique (phase aiguë) ;
- la prévention primaire de l'infarctus du myocarde chez un malade à risque vasculaire élevé ;
- la prévention secondaire, c'est-à-dire la prévention du risque de récurrence après un premier accident thromboembolique artériel (infarctus du myocarde, accident ischémique cérébral) ;
- la prévention des risques d'éclampsie à partir du second trimestre de la grossesse ;
- la prévention des risques de thrombose en chirurgie cardio-vasculaire lors des pontages coronariens et angioplasties, au cours de l'angor instable, dans l'artérite chronique des membres inférieurs, les thrombocytemies primitives.

4. Formes galéniques

Elles diffèrent principalement par le lieu et la cinétique d'absorption. Les spécialités les plus prescrites en cardiologie sont présentées dans le *tableau*.

5. Effets indésirables et contre-indications

Les effets secondaires, bien que réduits aux posologies utilisées, sont représentés par les incidents et accidents hémorragiques (épistaxis, gingivorragies, hématuries, méléna, hématuries, etc.), les antécédents récents d'ulcérations gastriques et duodénales et d'hypersensibilité qui sont, de fait, des contre-indications au traitement lorsqu'ils préexistent.

Des précautions d'emploi sont signalées en cas d'insuffisance rénale ou hépatique majeure ainsi qu'au cours du premier trimestre de la grossesse. Il existe une potentialisation du risque hémorragique lors de l'administration concomitante d'anticoagulants oraux, des héparines, d'autres AINS et d'autres antiplaquettaires. Il existe un risque de potentialisation de l'effet des hypoglycémisants oraux.

B. Anti-inflammatoires non stéroïdiens (AINS) autres que l'aspirine

L'indométacine (Indocid®), l'ibuprofène (Brufen®), le flurbiprofène (Cebutid®) ont un mécanisme d'action similaire à celui de l'aspirine. Toutefois, leurs effets sont réversibles par inhibition compétitive de la cyclo-oxygénase plaquettaire. Un seul essai clinique utilisant le flurbiprofène a permis l'obtention d'une autorisation de mise sur le marché (AMM) pour cette molécule dans certaines indications. Les fonctions plaquettaires se normalisent en quelques jours à l'arrêt du traitement.

C. Molécules en développement

Un inhibiteur direct du récepteur TP au thromboxane A₂ est actuellement en phase 3. Il s'agit du terutroban (fig. 1).

II. Inhibiteurs de l'agrégation par l'ADP : ticlopidine (Ticlid®) et clopidogrel (Plavix®)

Ces molécules appartiennent à la famille des thiénopyridines (fig. 2).

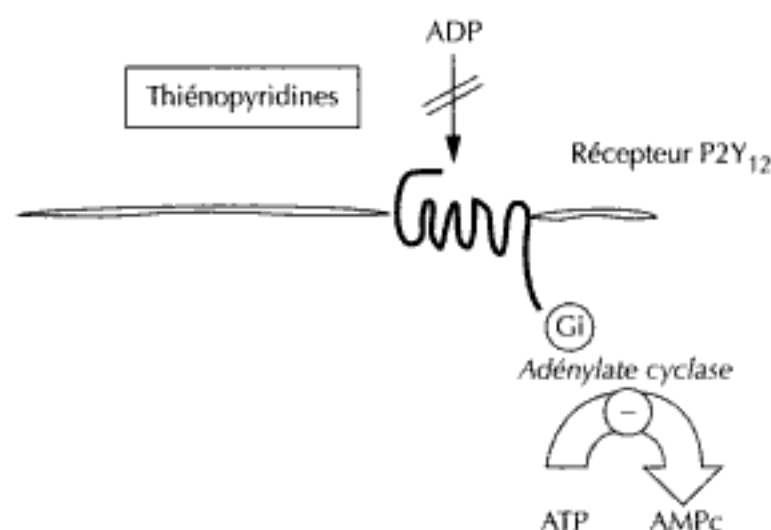


Figure 2. Mécanisme d'action des thiénopyridines

A. Ticlopidine

Le Ticlid® est inscrit sur la liste I. Il inhibe de manière sélective et puissante l'activation des plaquettes induites par l'ADP en empêchant la liaison de l'ADP à son récepteur membranaire. Par voie de conséquence, il inhibe l'agrégation des plaquettes résultant de l'activation de GP IIb/IIIa.

L'effet du Ticlid® est dose-dépendant et irréversible, médié par les *métabolites* hépatiques de la ticlopidine et, ainsi, un délai de plusieurs jours est nécessaire pour obtenir l'effet maximal. La posologie recommandée est de 500 mg/jour en deux prises dans les indications suivantes :

- prévention des récurrences d'accident ischémique cérébral lié à l'athérosclérose ;

- prévention des ischémies chez les malades à risque vasculaire élevé et prévention des troubles plaquettaires induits lors des circulations extracorporelles.

Les effets indésirables les plus redoutables sont la *pancytopenie* ou l'*agranulocytose*, ce qui impose une surveillance de l'hémogramme deux fois par mois pendant les trois premiers mois de traitement. D'autres effets indésirables ont été signalés : manifestations digestives, hémorragiques, troubles cutanés, etc.

Les contre-indications sont les maladies hémorragiques acquises et constitutionnelles, les lésions susceptibles de saigner, les antécédents d'allergie ou de cytopénie au Ticlid® et la grossesse. Le risque hémorragique est majoré lors de l'association à tout traitement anticoagulant ou antiplaquettaire.

B. Clopidogrel (Plavix®)

Le Plavix® est également inscrit sur la liste I. Son mécanisme d'action est identique à celui de la ticlopidine. Le clopidogrel n'est qu'une prodrogue, l'un de ses métabolites thiol est le principe actif. Ce métabolite hépatique actif thiol se lie au récepteur à l'ADP P2Y₁₂ et le bloque de façon irréversible. Il en découle une élévation de l'AMP cyclique (AMPc) intraplaquettaire et, par conséquent, une diminution de la mobilisation du calcium intraplaquettaire et une inhibition de l'agrégation (fig. 2). Le développement du clopidogrel (Plavix®, essai CAPRIE) a permis d'obtenir un antiplaquettaire puissant à faible dose (75 mg/jour en une seule prise, demi-vie de huit heures) et pratiquement dépourvu du risque d'agranulocytose induit par la ticlopidine. De ce fait, il a largement supplanté la ticlopidine. Les thiéno-pyridines sont contre-indiquées en cas d'insuffisance hépatique ou rénale sévère. Un délai de plusieurs jours est nécessaire pour obtenir l'effet maximal, ce qui a conduit à l'élaboration de doses de charge du Plavix® (300 à 600 mg) pour obtenir un effet inhibiteur en deux à six heures. En corollaire, l'effet persiste plusieurs jours après l'arrêt du traitement, comme pour l'aspirine. Il existe de nombreux cas de résistance biologique ou clinique à l'aspirine et au clopidogrel, ce qui mène au développement de nouvelles molécules, comme celles dirigées contre le récepteur P2Y₁₂, dont certaines sont des prodrogues (prasugrel) et d'autres des inhibiteurs compétitifs actifs sans métabolisation.

III. Acides oméga 3 polyinsaturés (Maxepa®)

Remarque : classe anecdotique dans l'arsenal thérapeutique des antiplaquettaires. L'acide eicosapentaénoïque (EPA) et l'acide docosahexaénoïque (DHA), tous deux acides oméga 3 polyinsaturés, entrent dans la composition du Maxepa®, huile de chair de poisson à forte concentration d'acides gras insaturés. Le Maxepa® est un hypolipémiant indiqué dans le traitement des hypertriglycéridémies endogènes en complément du régime. Précurseurs de séries de prostaglandines comme l'acide arachidonique, EPA et DHA ont, contrairement à celui-ci, des propriétés antiagrégantes *in vitro* et *in vivo*. Ils contribueraient à la diminution des risques d'athérosclérose chez les patients.

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Thrombolytiques et antifibrinolytiques

D. RICHARD, Pharmacie du Centre hospitalier Henri Laborit
et Faculté de pharmacie, Poitiers.

C. CHARPENTIER, Étudiant AHU, Faculté de pharmacie, Poitiers.

I. Thrombolytiques

- A. Aspects physiopathologiques des thromboses
- B. Bref rappel sur la fibrinolyse
- C. Mode d'action des agents fibrinolytiques
- D. Médicaments thrombolytiques

II. Antifibrinolytiques

- A. Pharmacologie
- B. Pharmacocinétique
- C. Indications
- D. Contre-indications
- E. Utilisation pratique

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

L'essentiel de la question

Les agents thrombolytiques occupent une place stratégique dans la prise en charge de la phase aiguë de l'infarctus du myocarde – mais aussi dans les embolies pulmonaires et les thromboses veineuses profondes. Ils permettent d'obtenir une reperfusion coronarienne à court terme et diminuent de façon significative la morbidité et la mortalité dans cette pathologie.

Tous les produits administrés catalysent la transformation du plasminogène en plasmine, puis démasquent le site catalytique de cette enzyme. Leur efficacité est souvent comparable mais leur tolérance n'est pas identique, certaines molécules se révélant fortement antigéniques. Les effets indésirables du traitement sont essentiellement des accidents hémorragiques ou cardiovasculaires, ce qui explique que la majorité des contre-indications visent à prévenir le risque hémorragique.

Le recours aux antifibrinolytiques est d'intérêt plus restreint, mais ces produits trouvent place dans le traitement d'un surdosage par thrombolytique.

Pour en savoir plus

- Helft G. et al. Nouveaux agents thrombolytiques dans l'infarctus du myocarde. *Archives des maladies du cœur et des vaisseaux*, avril 1999 ; 92 (4) : 411-417.
- Charbonnier B., Pacouret G. Thrombolytiques : principes et règles d'utilisation. *Rev Prat*, 1998 ; 48 (10) : 1137-1140.
- Gulba D. C., Bode C., Runge M. S., Huber K. Thrombolytic agents : an updated overview. *Fibrinolysis & Proteolysis*, 1998 ; 12 (suppl. 2) : 39-58.
- Boschat J., Larlet J.-M., Gillard M. Antithrombotiques dans l'infarctus myocardique aigu. *Archives des maladies du cœur et des vaisseaux*, avril 1998 ; 91 (spécial II) : 19-26.
- Dossier technique Métalyse®

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Hidden page

Biochimie Hématologie

Retrouvez dans ce tome 2 les disciplines suivantes :

- la génétique,
- la biochimie fondamentale,
- la physiologie,
- la biochimie analytique et clinique,
- l'hémoglobine,
- l'hématologie clinique,
- l'hémostase,
- la thérapeutique.

La collection du Moniteur Internat est devenue un outil de référence pour les pharmaciens et les biologistes, ainsi qu'une base de travail indispensable aux étudiants qui préparent le concours de l'Internat en pharmacie.

Rédigés par une équipe d'auteurs dirigée par Michel Vaubourdolle, biologiste à l'hôpital Saint-Antoine à Paris, les quatre tomes de la collection comportent les connaissances essentielles des disciplines pharmaceutiques et biologiques.

ISBN : 978-2-915585-39-1



9 782915 585391

www.WK-Pharma.fr



Wolters Kluwer
France

Copyrighted material